



FACULTAD DE FÍSICA
MÁSTER INTERUNIVERSITARIO EN FÍSICA NUCLEAR
DEPARTAMENTO DE FÍSICA ATÓMICA, MOLECULAR Y
NUCLEAR

TRABAJO FIN DE MÁSTER:
**NUEVO MÉTODO DE
RECONSTRUCCIÓN DE MAPA DE
DOSIS PARA VERIFICACIÓN DE
TRATAMIENTOS DE RADIOTERAPIA
AVANZADOS**

Alumno: Antonio Damián Domínguez Muñoz

Tutora: D.^a M. Isabel Gallardo Fuentes

CURSO 2016-2017

RESUMEN

Las técnicas en radioterapia están en continua evolución. Su objetivo es conseguir una distribución de dosis tal que sea máxima en la zona tumoral y mínima en el tejido sano para evitar efectos secundarios no deseados. El desarrollo de técnicas avanzadas en radioterapia conlleva una mayor complejidad en los tratamientos, lo que hace necesario un desarrollo paralelo de técnicas de verificación dosimétricas. En este trabajo se presenta un prototipo de sistema de detección diseñado específicamente para la verificación de tratamientos de radioterapia avanzados en el plano axial del paciente. El sistema está basado en dos detectores de tiras de silicio dispuestos en configuración perpendicular y calibrados en dosis, que se insertan en el plano axial de un maniquí cilíndrico que puede girar sobre su eje. Así este prototipo mide la dosis media en agua depositada en cada tira en las distintas posiciones angulares. A partir de estos datos y mediante la descripción del mapa de dosis mediante píxeles, puede desarrollarse un nuevo método de reconstrucción que presenta mayores ventajas que los métodos basados en la transformada de Radon que se venían usando hasta ahora. Teniendo en cuenta la naturaleza estadística del proceso de medida, se aplica el método de máximo a posteriori y se desarrolla el método de esperanza-maximizado (EM) para darle solución. Los resultados obtenidos con este método y con una generalización del mismo (GEM) son satisfactorios, quedando futuras líneas de investigación pendientes para la obtención de mapas de mejor calidad.

Índice general

1. Introducción	1
2. Material y Método	3
2.1. Sistema de detección	3
2.2. Descripción matemática del problema	5
2.2.1. Formalismo analítico	5
2.2.2. Formalismo de discretización en píxeles	7
2.3. Modelado geométrico del sistema de detección	8
2.3.1. Descripción de los detectores	9
2.3.2. Descripción de los píxeles	10
2.3.3. Estrategia a seguir	10
2.4. Métodos de reconstrucción	11
2.4.1. Método iterativo	12
2.4.2. Método estadístico	12
2.4.3. Reconstrucción de mapa de dosis usando el método estadístico . . .	18
3. Resultados	29
3.1. Modelado del detector	29
3.2. Reconstrucción de mapa de dosis	33
3.2.1. Reconstrucción de mapas artificiales sin información a priori usando el algoritmo EM	33
3.2.2. Reconstrucción de mapas artificiales con información a priori usando el algoritmo GEM	42

3.2.3. Reconstrucción del mapa de dosis de un tratamiento real sin información a priori usando el algoritmo EM	42
4. Conclusiones	49
A. Cálculo de los coeficientes del modelado del detector	51
A.1. Cálculo del coeficiente $C_{ijk\alpha m}$ para un pixel dado ij	51
A.1.1. Condición de contribución de los píxeles	51
A.1.2. Cálculo de los puntos de corte	52
A.1.3. Cálculo de la contribución del pixel por el que pasa la tira	54
A.1.4. Apunte para los casos particulares	55
A.2. Cálculo de los coeficientes G_{ijklm} para los píxeles en los que se produce el corte de dos líneas del detector	56
B. Desigualdad de Jensen. Aplicación a un caso característico.	59
C. Distribución de probabilidad a priori de Gibbs	61

Capítulo 1

Introducción

Los tratamientos de radioterapia con fotones están en continua evolución y se han ido volviendo más complejos en los últimos años. En la actualidad los aceleradores clínicos son capaces de irradiar en condiciones que se pueden considerar no estándares según los patrones tradicionales. Se pueden conseguir campos de radiación muy pequeños para los que puede que se hayan perdido las condiciones de equilibrio electrónico lateral. Además, en los nuevos tratamientos el número de campos (aperturas e incidencias) usados puede ser muy elevado y la dosis depositada por algunos de ellos muy pequeña. Entre estos nuevos tratamientos está la denominada radioterapia de intensidad modulada (IMRT, por sus siglas en inglés).

La finalidad de estos tratamientos es ajustar al máximo la dosis en el tumor y proteger el tejido sano adyacente permitiendo en algunos casos escalar la dosis en el primero. Por esos motivos, el planificador, que es un programa informático encargado de realizar el cálculo de la dosis que se depositaría en el paciente, no siempre está preparado para las condiciones extremas de estos tipos de tratamientos. Es preciso, entonces, verificar que los campos de tratamiento depositan la dosis que ha sido calculada por el planificador.

La verificación de un tratamiento se realiza habitualmente mediante medidas experimentales de la dosis, que se comparan con las calculadas por el planificador. Las medidas experimentales se obtienen lanzando el tratamiento real sobre un maniquí que simula la forma humana, en el cual está insertado el sistema detector. Como la planificación de tratamientos suele realizarse sobre los cortes axiales del paciente, obtenidos con alguna técnica de imagen médica (TAC, RMI, TAC+PET, RMI+PET...), es interesante realizar la verificación en estos planos.

La calibración de un detector que funcione como dosímetro se suele hacer a dosis en agua, esto es, la dosis que se depositaría en el volumen activo del detector si este se sustituye por agua. La razón de utilizar el agua como patrón se basa en su fácil uso y su equivalencia a tejido. Como la dosis es una magnitud puntual, la lectura del dosímetro, que es la dosis promediada en su volumen activo, se le asigna a un punto efectivo de medida.

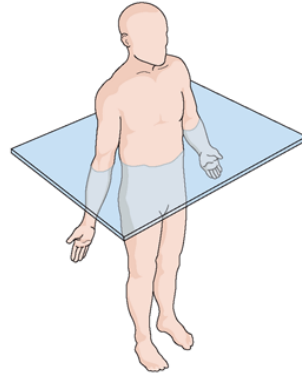


Figura 1.1: Plano axial del cuerpo humano.

Como se ha comentado antes, es interesante medir la distribución de dosis en los planos axiales. Sin embargo, resulta complicado encontrar un detector que pueda calibrarse a dosis en agua recibiendo la radiación a lo largo de su plano activo, es decir, cuando la dirección del haz es paralelo al plano del detector. De este tipo, se puede hablar hasta ahora únicamente de la película radiocrómica. El problema de ésta es que su lectura no es en tiempo real, sino que se analiza posteriormente, lo cual ralentiza el proceso de verificación y por tanto del posterior tratamiento de los pacientes.

Otros sistemas de detección que existen en el mercado solo realizan medidas puntuales del mapa de dosis en la superficie del maniquí o en su interior. Con la información de la dosis en distintos puntos corrigen el mapa calculado por el planificador para inducir el mapa completo en los planos axiales.

En este trabajo se presenta un nuevo método de obtención de mapa de dosis en el plano axial, de forma casi inmediata, a partir del desarrollo de numerosas técnicas de reconstrucción del mapa de dosis usando medidas experimentales realizadas en dicho plano por un prototipo de sistema detector diseñado específicamente para este fin [1]. En el segundo capítulo, primero se presentan las características principales del prototipo de sistema de detección. Esto permite describir la magnitud que es objeto de medida y la forma en la que ésta se mide. Se procede entonces a realizar la descripción matemática del problema de reconstruir el mapa de dosis a partir de las medidas experimentales. Para obtener una descripción completa, resulta necesario modelar la respuesta del sistema detector ante un determinado mapa de dosis. Por ello se presenta también el algoritmo usado para calcular los coeficientes necesarios para traducir un mapa de dosis a la lectura del sistema detector. Por último, se desarrolla un primer método de solución a dicho problema usando técnicas similares a las que se emplean hoy en día en reconstrucción de imagen médica (SPECT, PET...), pero que nunca antes se han aplicado a la reconstrucción de mapa de dosis para la verificación de tratamientos. En el tercer capítulo se muestran los resultados obtenidos, tanto del modelado del detector como de la reconstrucción del mapa de dosis. Para éste último caso se expone tanto la reconstrucción de mapas artificiales como la realizada a partir de datos experimentales obtenidos con el prototipo. Con el cuarto capítulo concluye el trabajo. En él se recogen los principales avances conseguidos, lo que aún queda por hacer y lo que se espera obtener en un futuro próximo.

Capítulo 2

Material y Método

2.1. Sistema de detección

El sistema de detección, como ya se ha mencionado anteriormente, ha sido diseñado, desarrollado y construido específicamente para obtener experimentalmente mapas de dosis 2D axiales de tratamientos radioterapéuticos para su verificación. Está basado en un detector que se detallará a continuación insertado un plano axial de un maniquí cilíndrico capaz de rotar alrededor de su eje. En la fecha en que se ha realizado este trabajo el prototipo actual es un modelo más avanzado [2] del que se usó en un principio [3].

El prototipo está formado por dos detectores de tiras de silicio de una sola cara (en inglés single-sided silicon strip detector, SSSSD) de $64 \times 64 \text{ mm}^2$ de área activa, $500 \mu\text{m}$ de grosor y separados por $500 \mu\text{m}$ de kapton del mismo tamaño que las obleas de silicio. Cada una de las obleas de silicio está dividida en 32 tiras de 2 mm de grosor cada una. Con las tiras colocadas en configuración perpendicular, el ensamblaje de estos dos detectores ha recibido el nombre de dual SSSSD (o DSSSSD).

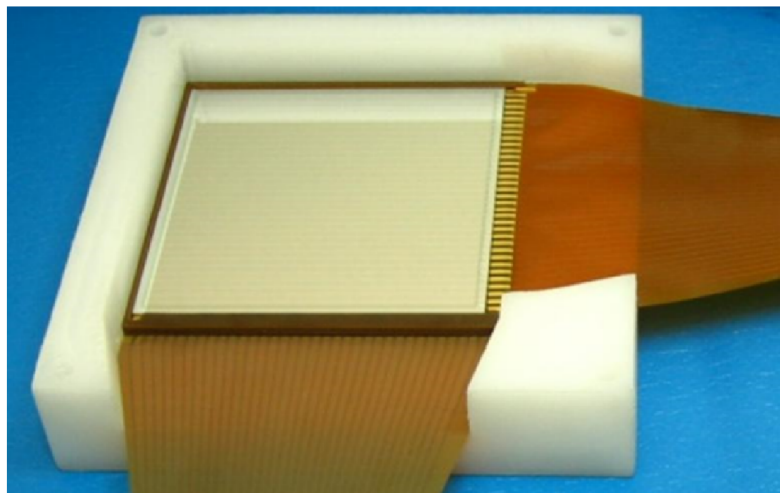


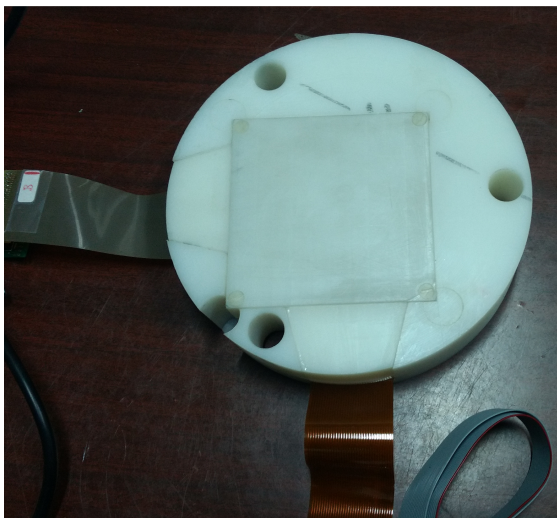
Figura 2.1: Versión final del DSSSSD para verificación de radioterapia. En la foto se observa la parte inferior de la caja en la que se inserta el detector para su protección.

El sistema detector se encuentra insertado en una caja de polietileno como se ve la figura 2.1 (en la figura 2.2a puede verse la caja junto con la tapa). Esta caja está diseñada para ser acoplada a diferentes maniquíes. Ya que el interés (y la novedad) de este sistema es obtener datos experimentales midiendo directamente en el plano axial, se ha construido un maniquí cilíndrico con las dimensiones de una cabeza humana. La caja del detector es insertada en una sección del maniquí como se visualiza en la figura 2.2b, de manera que el centro del área activa del detector coincida con el eje de simetría del cilindro. Posteriormente la sección se ensambla al resto del maniquí, el cual está dotado de un motor junto con un sensor angular, que permite su rotación controlada en torno al eje de simetría del cilindro. Así pueden tomarse medidas en distintas posiciones angulares.

El maniquí cilíndrico con el detector insertado se coloca en la mesa de tratamiento y es irradiado por el acelerador clínico como se muestra en la figura 2.2c. El área activa del sistema de detección queda posicionada en el plano axial del paciente, siendo la dirección de incidencia de la radiación tangencial a dicho plano. Cuando se irradia el dispositivo experimental con el detector en una posición angular determinada respecto a una tomada como referencia, en cada una de las tiras se colecta la carga liberada por la radiación en dicha posición angular. Se ha demostrado [4] que es posible encontrar una constante de calibración que traduzca esta lectura a dosis en agua.



(a) Caja de polietileno del detector.



(b) Sección cilíndrica del maniquí en la que se introduce la caja del detector.



(c) Maniquí cilíndrico colocado en la mesa de tratamiento y cabezal del acelerador lineal.

Figura 2.2: Características del montaje experimental.

Una vez calibrado el sistema, cuando se lanza un tratamiento completo sobre el maniquí en una posición angular fija, lo que se obtiene es la dosis media (o integrada) a lo largo de cada tira en esa posición. Para poder realizar la reconstrucción del mapa de dosis es necesario tomar medidas en varias posiciones angulares. Esto supone repetir el tratamiento tantas veces como distintas medidas angulares se deseen tomar, lo cual aumenta el tiempo necesario para realizar la verificación. Este es el motivo por el cual el prototipo más avanzado está formado por dos detectores de tiras de silicio en configuración perpendicular, ya que, junto con la simetría de cada detector solo es necesario la toma de medidas dentro de un intervalo de noventa grados. El número de medidas necesarias con el prototipo avanzado para obtener la misma cantidad de información que se obtendría usando el prototipo inicial se reduce así a la mitad, y lo mismo ocurre con el tiempo empleado. En el mismo sentido una de las tareas importantes del algoritmo de reconstrucción será mantener la calidad del mapa reconstruido usando para ello el menor número de medidas posibles.

2.2. Descripción matemática del problema

Esta sección se divide en dos partes. En la primera de ellas se recoge el planteamiento del problema realizado en anteriores trabajos, se comentan cuales son los métodos de solución al mismo, así como los problemas y necesidades que surgen a partir de las primeras reconstrucciones realizadas. Esto sirve de motivación para la segunda parte de esta sección, en la cual se presenta una nueva descripción del problema, que resulta más flexible y posee ventajas en cuanto a la obtención de un algoritmo para realizar la reconstrucción del mapa de dosis.

2.2.1. Formalismo analítico

La dosis es una magnitud intensiva, por lo que un mapa de dosis en el plano XY puede definirse como una función continua de dos variables $D(x, y)$. Se puede considerar ahora un sistema de coordenadas (x', y') rotado un ángulo θ respecto al que se tiene definido el mapa de dosis. El cambio de coordenadas de un sistema a otro viene dado por

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \cos \theta & \sin \theta \\ -\sin \theta & \cos \theta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} \Leftrightarrow \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \cos \theta & -\sin \theta \\ \sin \theta & \cos \theta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix}. \quad (2.1)$$

Se puede definir la función proyectada de $D(x, y)$ a lo largo de una línea $x' = \text{cte}$, $p(x', \theta)$, mediante la *transformada de Radon*

$$p(x', \theta) = \int_{-\infty}^{\infty} D(x' \cos \theta + y \sin \theta, -x \sin \theta + y \cos \theta) dy' \equiv \mathcal{R} \{D(x, y)\}. \quad (2.2)$$

Si se conociera la función proyectada para un conjunto de valores $\{x', \theta\}$, para obtener el mapa de dosis a partir de la proyección habría que usar la transformada inversa de Radón.

Los algoritmos basados en este método reciben el nombre de algoritmos de retroproyección. Existen variantes que pasan al espacio de Fourier, realizan la reconstrucción en él y vuelven al espacio original, pudiendo aplicar filtros en este último paso. Este tipo de solución recibe el nombre de retroproyección filtrada.

Con el DSSSSD se obtiene la dosis media en cada tira. Sea el sistema de coordenadas (x', y') el usado para describir el dosímetro anteriormente descrito, la dosis media en la n -ésima tira orientada en la dirección del eje OX' con el detector girado un ángulo θ viene dada por

$$\bar{D}_n(\theta) = \frac{1}{AT} \int_{ancho} dx' \int_{alto} dy' D(x' \cos \theta + y \sin \theta, -x \sin \theta + y \cos \theta), \quad (2.3)$$

donde AT es el área de la tira y la integral doble se realiza dentro de la misma.

La expresión (2.3) conduce a la transformada (2.2) cuando $ancho \rightarrow 0$ y $alto \rightarrow \infty$. La integral de superficie se puede convertir en una integral de línea asignando la dosis media obtenida en una tira a la línea que pasa por el centro de la tira en la dirección de mayor longitud, en nuestro caso en la dirección del eje OX' . Se denota esta línea por x'_n , obteniéndose

$$\bar{D}(x'_n, \theta) = \frac{1}{alto} \int_{alto} dy' D(x'_n \cos \theta + y \sin \theta, -x_n \sin \theta + y \cos \theta). \quad (2.4)$$

Este primer paso puede asumirse como una aproximación, pero la extensión de la integral al infinito solo puede hacerse si el mapa de dosis se anula fuera del área activa del detector. Por lo general esto no ocurre, ya que con el detector se mide una parte del mapa de dosis, existiendo fuera una dosis no nula depositada por los haces de radiación conforme avanzan en el interior del paciente hacia el tumor y la dosis a la salida del tumor típica de la radiación con fotones. Esto hace difícil la aplicación de los métodos de retroproyección a este caso en particular.

A pesar de este inconveniente, se ha conseguido desarrollar un algoritmo de reconstrucción que resuelve en gran parte este problema, obteniéndose unos primeros resultados [5], [4]. La reconstrucción obtenida con los métodos de retroproyección solo permite obtener el valor del mapa de dosis en un determinado número de puntos, que será mayor cuanto mayor sea el número de medidas realizadas. Además solo puede ser reconstruido el círculo inscrito en el detector, ya que solo los puntos de este círculo son vistos en todas las orientaciones por las tiras del detector.

El problema planteado en este formalismo, la limitación de la reconstrucción al círculo circunscrito y la dependencia tan directa de la calidad de la reconstrucción con el número de medidas que define directamente el proceso de verificación, hacen necesaria la búsqueda de una descripción diferente para abordar el mismo problema desde otro punto de vista que permita aplicar métodos alternativos de reconstrucción.

2.2.2. Formalismo de discretización en píxeles

La discretización de un mapa de dosis en píxeles nace de la idea de un sistema de detección calibrado en dosis, formado por una matriz de detectores rectangulares adyacentes e independientes que permita obtener el mapa de dosis directamente de la medida experimental. Con este dispositivo se mediría la dosis promediada en cada detector (píxel) que sería asignada al punto central del mismo. Cuanto más pequeño sea el tamaño de estos detectores y mayor número de ellos haya, mejor será la resolución con la que se medirá el mapa. Esto lleva asociado una electrónica de recogida de la señal de cada canal que perturba de forma importante el medio y más aún si los haces de radiación inciden a lo largo del plano de la matriz de detectores. A excepción de las películas radiocrómicas (con las que no se puede obtener la reconstrucción en tiempo real), hoy en día no existe tecnología desarrollada aún que permita construir un detector con estas características, pero puede hallarse una relación sencilla entre la respuesta de un sistema formado por una matriz de detectores rectangulares y el sistema basado en tecnología de tiras de silicio que se ha presentado anteriormente en este trabajo.

Dada una matriz de detectores rectangulares iguales de área activa $AP = w \cdot h$, donde w es el ancho y h el alto, y sean (x_{ij}, y_{ij}) las coordenadas del centro del detector colocado en la i -ésima fila y la j -ésima columna de la matriz, el mapa de dosis $D(x, y)$ puede descomponerse

$$D(x, y) = \sum_{i,j} DP_{ij} \cdot H_{ij}(x, y), \quad (2.5)$$

donde $H_{ij}(x, y)$ se define de esta forma

$$H_{ij}(x, y) = \begin{cases} 1 & \text{si } x \in [x_{ij} \pm w/2], y \in [y_{ij} \pm h/2] \\ 0 & \text{en otro caso} \end{cases}, \quad (2.6)$$

y cada coeficiente DP_{ij} , que se corresponde con la dosis promediada en el detector colocado en la posición ij de la matriz, se obtiene multiplicando a izquierda y derecha por $H_{\alpha\beta}(x, y)$ e integrando a todo el plano, siendo el resultado

$$DP_{\alpha,\beta} = \frac{1}{AP} \int_{x_{ij}-w/2}^{x_{ij}+w/2} dx \int_{y_{ij}-h/2}^{y_{ij}+h/2} dy D(x, y). \quad (2.7)$$

Pensemos ahora en el sistema detector descrito en la primera sección de este capítulo, formado por dos detectores de tiras de silicio que pueden girar alrededor del centro del área activa. Sea $m = 1, 2$ el índice que describe cada SSSD, l el asociado con cada tira y k el referente a una posición angular determinada y llamando DT_{klm} a la dosis promedio correspondiente, a partir de (2.3) y (2.5) se obtiene la relación

$$\begin{aligned} DT_{klm} &= \frac{1}{AT} \left[\int_{\text{ancho}} dx' \int_{\text{alto}} dy' D(x, y) \right]_{klm} \\ &= \frac{1}{AT} \sum_{i,j} DP_{ij} \left[\int_{\text{ancho}} dx' \int_{\text{alto}} dy' H_{ij}(x, y) \right]_{klm}, \end{aligned}$$

donde el subíndice klm en la integral doble quiere decir que se realiza sobre el área de la l -ésima tira del m -ésimo detector cuando el sistema detector está en la k -ésima posición angular. La integral doble de la función $H_{ij}(x, y)$ sobre el área de la tira descrita por los subíndices klm no es más que la fracción del área del detector ij que queda dentro de dicha tira.

Así, esta dosis promedio se obtiene, a partir del mapa de dosis descrito por la dosis promedio en cada uno de los detectores de una matriz, de la siguiente forma

$$DT_{klm} = \frac{AP}{AT} \sum_{i,j} G_{ijklm} \cdot DP_{ij}, \quad (2.8)$$

donde G_{ijklm} , denotado así por ser un factor geométrico, es la fracción del área del detector ij que queda dentro de la tira descrita por los subíndices klm y toma valores en el intervalo $[0, 1]$.

La ecuación (2.8) es la versión discretizada de (2.3). De la misma manera, el problema consiste en obtener el valor de los distintos DP_{ij} conocido un conjunto de valores $\{DT_{klm}\}$. Está claro que cualquier solución al problema va a depender de G , por lo que es necesario que el modelo usado para calcular su valor reproduzca con la mayor fidelidad posible la realidad. En la siguiente sección se recoge el algoritmo desarrollado para su cálculo exacto.

2.3. Modelado geométrico del sistema de detección

Antes de comenzar con el cálculo de los coeficientes G , se recuerdan las características del sistema de detección. Está formado por dos detectores de tiras de silicio dispuestos en configuración perpendicular. Cada uno de los dos detectores está formado por 32 tiras de $2 \times 64 \text{ mm}^2$, es decir, un área activa total de $64 \times 64 \text{ mm}^2$.

En un principio el centro de los dos detectores es coincidente con el centro de giro del maniquí, por lo que, en primera instancia, el conjunto de los dos detectores realizando un cuarto de vuelta o un giro de 45° podría modelarse como un único detector que realiza media vuelta o un giro de 90° .

Sin embargo, debido a que la anchura de las tiras es de tan solo 2 mm, una pequeña desviación del centro de giro respecto del centro del detector puede resultar importante en el posicionamiento de las tiras en las distintas posiciones angulares del sistema. Además de esto se rompe la simetría en la detección y hay que tratar los dos detectores de forma independiente. Para realizar la descripción, se toman los sistemas de coordenadas (fijo y rotado) en el mismo origen para que la transformación de un sistema a otro venga dado por (2.1). La posición del centro del detector en el sistema de coordenadas rotado se denota por (Δ_x, Δ_y) , permitiendo así que éste pueda estar desplazado.

2.3.1. Descripción de los detectores

Los detectores pueden ser estudiados por las líneas que los forman. En total un detector está formado por treinta y tres líneas correspondientes a los bordes de las tiras más dos líneas de los bordes superior (up) e inferior (down). La posición angular de referencia, $\theta = 0^\circ$, es aquella en la cual uno de los detectores tiene las tiras orientadas verticalmente y el otro horizontalmente. Al detector de tiras verticales se le asigna el valor $m = 1$ y al detector de tiras horizontales el valor $m = 2$. Todo esto junto con la forma en que se denotan los distintos bordes de los dos detectores puede verse en la figura 2.3.

Se hace notar que la forma en que se han elegido los bordes verticales y horizontales ha sido para que cada borde horizontal se corresponda con el mismo borde vertical girado un ángulo de 90° , siendo el giro antihorario. Por otro lado solo estudiando los bordes de las tiras, se tienen estudiados todos los bordes, ya que los bordes superior e inferior de un detector se corresponden, respectivamente, con los bordes 33 y 1 de las tiras del otro detector.

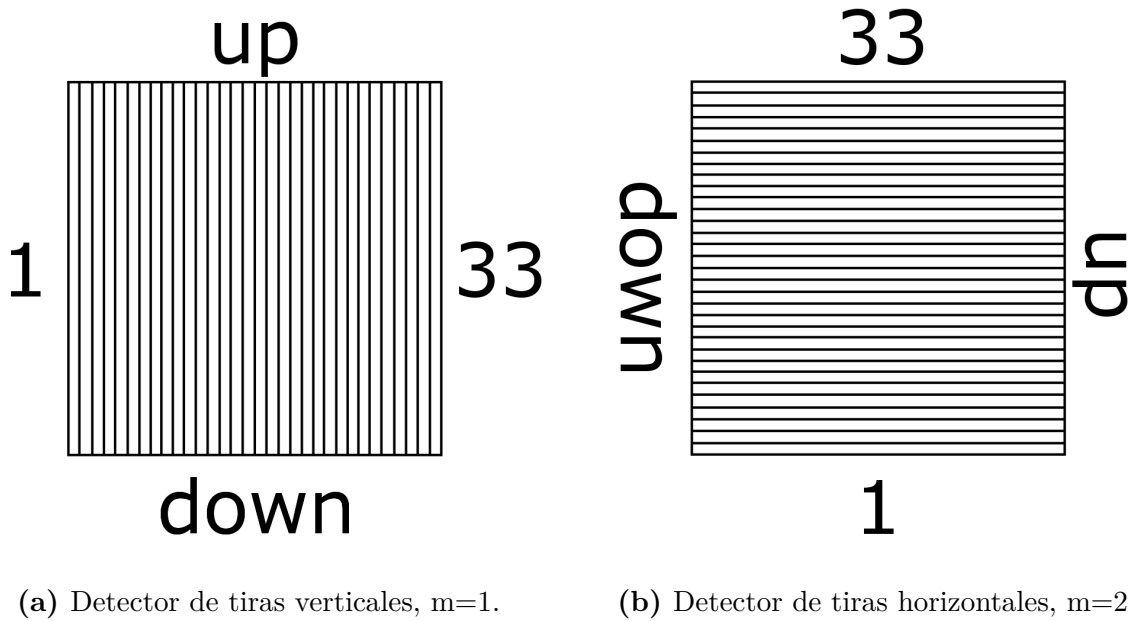


Figura 2.3: Posición de referencia de los detectores $\theta = 0^\circ$.

Definida la posición de referencia, se tiene la forma en la que se describen las líneas de los detectores en el sistema de coordenadas girado. Como los detectores giran junto con el sistema que rota, estos siempre permanecen fijos en dicho sistema. Las líneas de los bordes de las tiras del detector vertical vienen dadas por rectas $x' = \text{cte}$ y las del detector horizontal por rectas $y' = \text{cte}$, que en el caso del sistema detector tratado son

$$\begin{aligned} x'_\alpha &= 2(\alpha - 17) \text{ mm} + \Delta_x, \\ y'_\alpha &= 2(\alpha - 17) \text{ mm} + \Delta_y, \end{aligned}$$

con $\alpha=1,2,\dots,33$.

2.3.2. Descripción de los píxeles

En el caso de los píxeles, lo único que hay que tener en cuenta en su representación es la numeración de la esquinas, la cual se ve en la figura 2.4.

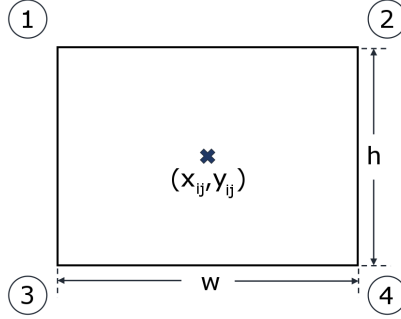


Figura 2.4: Descripción de un píxel.

Los píxeles no tienen por qué ser cuadrados, por lo que es útil conocer el ángulo de la diagonal del píxel con, por ejemplo, la vertical, θ^* . Este viene dado por

$$\theta^* = \arctan\left(\frac{w}{h}\right). \quad (2.9)$$

2.3.3. Estrategia a seguir

El primer paso es descomponer el cálculo de G en dos partes

$$G_{ijklm} = C_{ijklm}^{\text{ancho}} \cdot C_{ijklm}^{\text{alto}}, \quad (2.10)$$

donde C_{ijklm}^{ancho} se corresponde con la fracción del píxel ij que quedaría dentro del ancho de la tira klm suponiendo que su altura fuera infinita y C_{ijklm}^{alto} se corresponde con la fracción del píxel ij que quedaría dentro del alto del detector m en la posición angular k sin tener en cuenta la anchura finita. Así solo cuando ambos coeficientes sean distintos de cero, es decir, que estén dentro de una tira dada de anchura finita y altura finita, el coeficiente buscado es distinto de cero.

Cada uno de estos coeficientes puede calcularse estudiando las líneas por separado de la manera que se describe a continuación

$$C_{ijklm}^{\text{ancho}} = C_{ijklm} - C_{ijk(l+1)m}, \quad (2.11)$$

$$\begin{aligned} C_{ijk,m=1}^{\text{alto}} &= C_{ijk,l=1,m=2} - C_{ijk,l=33,m=2}, \\ C_{ijk,m=2}^{\text{alto}} &= C_{ijk,l=1,m=1} - C_{ijk,l=33,m=2}. \end{aligned} \quad (2.12)$$

En (2.12) puede verse que, como ya se ha dicho, solo es necesario estudiar las líneas de los bordes de las tiras ya que los bordes superior e inferior de un detector se corresponden, respectivamente, con los bordes 33 y 1 de las tiras del otro detector.

Hay que especificar entonces la forma en que se calcula $C_{ijk\alpha m}$ con $\alpha = 1, 2, \dots, 33$, y esta es

$$C_{ijk\alpha m} \begin{cases} = 0, & \text{si los valores de las proyecciones de todos los puntos del pixel sobre} \\ & \text{el eje OX' o OY', según sea } m = 1 \text{ o } m = 2, \text{ son menores que el valor} \\ & \text{de la posición de la línea que define el borde } (x'_\alpha \text{ o } y'_\alpha) \\ \in (0, 1), & \text{si la línea que define el borde cruza a través del pixel} \\ = 1, & \text{si los valores de las proyecciones de todos los puntos del pixel sobre} \\ & \text{el eje OX' o OY', según sea } m = 1 \text{ o } m = 2, \text{ son mayores que el valor} \\ & \text{de la posición de la línea que define el borde } (x'_\alpha \text{ o } y'_\alpha) \end{cases} .$$

Para el caso de que la línea cruce a través del pixel hay que calcular la fracción de área del pixel formada por los puntos cuya proyección en el sistema rotado sean más grandes que el valor de la posición de la línea que define el borde (x'_α o y'_α , según sea $m = 1$ o $m = 2$).

Existen ciertos píxeles en cada posición angular del sistema detector para los que los coeficientes G no están bien determinados con la ecuación (2.10). Estos píxeles son aquellos en los que se produce el corte del borde de una tira con uno de los bordes superior o inferior del detector. Hay que localizar cuales son estos píxeles y diseñar un algoritmo específico para el cálculo del coeficiente correcto.

Por último, el sistema detector en su giro barre un área del mapa de dosis. Hay que calcular los coeficientes de los píxeles que están dentro de dicho área. El mapa completo tiene forma rectangular por lo que se calculan más coeficientes de los que interesa y se consume tiempo de cálculo en coeficientes innecesarios. Esto es por lo que hay que adaptar el tamaño del mapa rectangular al área que barre el detector. Lo más sencillo es calcular las posiciones de las esquinas del sistema detector en las distintas posiciones angulares que serán los conjuntos $\{X_k\}$ y $\{Y_k\}$, y buscar los valores máximo y mínimo de cada conjunto.

2.4. Métodos de reconstrucción

En esta sección se estudia la forma de obtener el mapa de dosis dado por el conjunto $DP = \{DP_{ij}\}$, a partir del conjunto de datos experimentales $DT = \{DT_{klm}\}$, teniendo en cuenta la relación (2.8). Para simplificar la notación, de aquí en adelante se agruparán los subíndices de la siguiente forma

$$\begin{aligned} \{i, j\} &\rightarrow \{u\} \\ \{k, l, m\} &\rightarrow \{v\} \end{aligned} ,$$

quedando la relación dosis promedio en el pixel u a dosis promedio en la tira v como sigue

$$DT_v = \frac{AP}{AT} \sum_u G_{uv} \cdot DP_u, \quad \forall v. \quad (2.13)$$

En los dos primeros apartados se muestran dos métodos distintos para resolver el problema, el iterativo y el estadístico. El primero se describe en líneas generales y se exponen algunos algoritmos para su consulta. Del segundo se explica su planteamiento y se desarrolla un tipo de algoritmo para su resolución en un caso genérico. En el tercer apartado se aplica el método estadístico al caso específico que ocupa este trabajo.

2.4.1. Método iterativo

Existe una ecuación (2.13) para cada v , por lo que se tiene un sistema de ecuaciones lineal. En la práctica, por lo general, la matriz de coeficientes de este sistema de ecuaciones no tiene inversa y, además, el sistema suele ser compatible indeterminado, por lo que existen múltiples combinaciones $\{DP_u\}$ que reproduzcan los mismos valores $\{DT_v\}$. Así resulta impracticable obtener una solución directa.

Los algoritmos iterativos obtienen una solución al sistema lineal de ecuaciones mediante la repetición en bucle de un conjunto de pasos, partiendo de una estimación inicial de los valores de los parámetros desconocidos. Todo método iterativo contiene tres pasos principales. El primero es el *paso de proyección*, que a partir de los valores de los parámetros obtenidos en la iteración anterior, obtiene artificialmente los datos experimentales correspondientes a dichos valores. En el caso estudiado sería aplicar (2.13). El segundo paso es el *paso de comparación*, que consiste en comparar los datos experimentales creados artificialmente con los datos reales medidos, obteniendo así un término de corrección. El último es el *paso de actualización*, que consiste en obtener nuevos valores de los parámetros aplicando la corrección obtenida en el paso anterior a los valores de partida en esa iteración. Estos nuevos valores serán los valores de partida de la iteración siguiente.

Mientras que el *paso de proyección* viene definido por el problema que es objeto de estudio, los otros dos pasos son de libre elección, y, por lo general, suelen aparecer como uno solo (*paso de comparación + actualización*). Además, para que el proceso descrito acabe es necesario definir previamente una regla de detención, que puede ser un número máximo de iteraciones o que la variación total de los valores de los parámetros de una iteración a otra queden por debajo de un umbral predefinido.

En la figura 2.5 se esquematiza la estructura más simple de los algoritmos iterativos para su mejor entendimiento. Algunos de los algoritmos iterativos son ART (Algebraic Reconstruction Technique) [6], SIRT (Simultaneous Iterative Reconstruction Technique) [7] o MART (Multiplicative Algebraic Reconstruction Technique) [8], entre otros. En este trabajo no se aplicará este tipo de métodos, la razón se da en el siguiente apartado.

2.4.2. Método estadístico

Este trabajo está enmarcado dentro de las aplicaciones médicas de la física nuclear. La base teórica es la interacción radiación materia, por lo que la naturaleza estadística de este fenómeno debe aparecer en la formulación del problema. Una solución obtenida a partir de un sistema de ecuaciones lineales sería una solución determinista que estaría, entonces, omitiendo información inherente al problema.

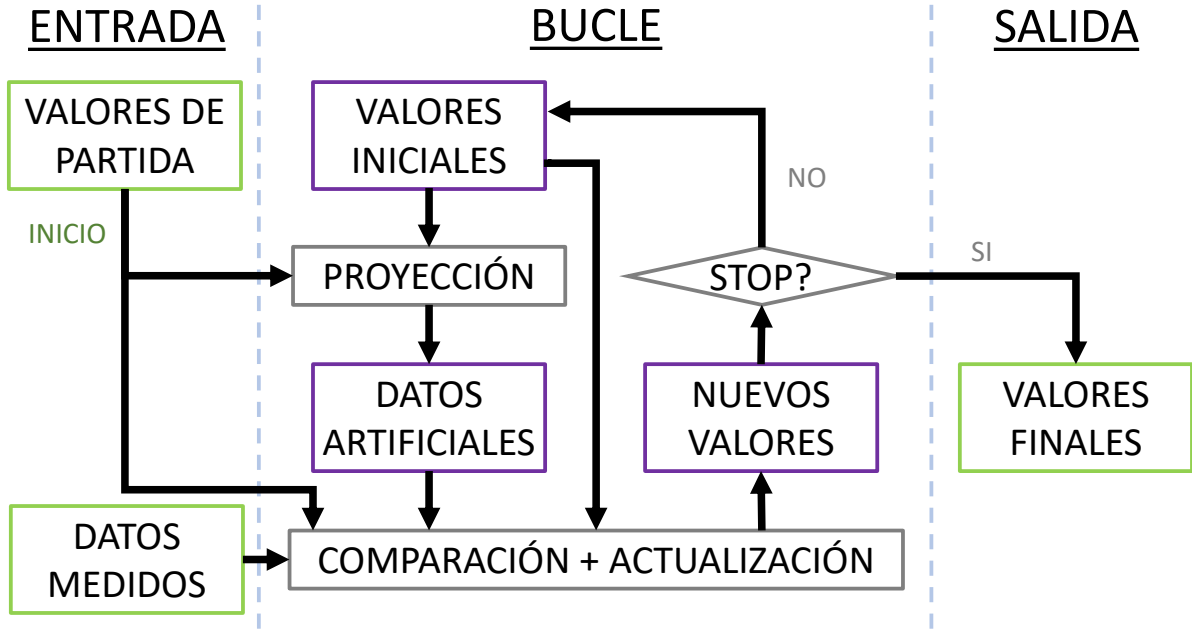


Figura 2.5: Esquema general de los algoritmos iterativos

Los algoritmos estadísticos tratan las medidas experimentales como un conjunto de variables aleatorias, en las que las incógnitas son los parámetros de la función de distribución de dicho conjunto. Los distintos métodos variarán dependiendo del estadístico escogido para estimar el valor de los parámetros.

El método que se empleará en esta sección es el de máxima verosimilitud o maximum likelihood estimation (MLE) [9], en inglés. Es un procedimiento para estimar los valores de los parámetros de una distribución de probabilidad a partir de los valores que toman las variables aleatorias. Sea un conjunto de variables aleatorias $y = \{y_v\}$ y un conjunto de parámetros $\lambda = \{\lambda_u\}$, si la distribución de probabilidad de y viene dada por $f(y|\lambda)$, la función de verosimilitud, \mathcal{L} , es la misma función que da la distribución de probabilidad, pero cambiados los roles de los parámetros y de las variables aleatorias, es decir

$$\mathcal{L}(\lambda|y) = f(y|\lambda). \quad (2.14)$$

El estadístico usado en la estimación por máxima verosimilitud, $\hat{\lambda}$, es el valor del parámetro que hace máxima la función de verosimilitud, esto es

$$\mathcal{L}(\hat{\lambda}|y) > \mathcal{L}(\lambda|y), \quad \forall \lambda \neq \hat{\lambda}. \quad (2.15)$$

En la mayoría de los casos resulta conveniente trabajar con el logaritmo neperiano de la función de verosimilitud

$$\ell(\lambda|y) = \ln \mathcal{L}(\lambda|y). \quad (2.16)$$

Si se toma la primera derivada respecto a cualquier parámetro

$$\frac{\partial \ell(\lambda|y)}{\partial \lambda_u} = \frac{1}{\mathcal{L}(\lambda|y)} \frac{\partial \mathcal{L}(\lambda|y)}{\partial \lambda_u}, \quad (2.17)$$

como $\mathcal{L}(\lambda|y) > 0$, entonces

$$\text{signo} \left(\frac{\partial \ell(\lambda|y)}{\partial \lambda_u} \right) = \text{signo} \left(\frac{\partial \mathcal{L}(\lambda|y)}{\partial \lambda_u} \right),$$

por lo que ambas funciones crecen y decrecen en los mismos intervalos, de manera que los máximos y mínimos de ambas funciones se producen para los mismos valores de λ . Puede así trabajarse con el logaritmo de la función verosimilitud, que resulta especialmente útil cuando el conjunto y está constituido por variables aleatorias estadísticamente independientes debido a que

$$\ell(\lambda|y) = \ln \left[\prod_v \mathcal{L}(\lambda|y_v) \right] = \sum_v \ln \mathcal{L}(\lambda|y_v) = \sum_v \ell(\lambda|y_v). \quad (2.18)$$

Los estimadores de máxima verosimilitud se obtienen a partir del sistema de ecuaciones que viene dado por

$$\left. \frac{\partial \ell(\lambda|y)}{\partial \lambda_u} \right|_{\hat{\lambda}_u} = 0, \quad \forall u, \quad (2.19)$$

con la condición adicional $\det[H^{(\ell)}(w)] < 0$, donde $H^{(\ell)}(w)$ es la matriz hessiana de ℓ .

Cuando se conoce información a priori de los parámetros, $f(\lambda)$, entonces la función a posteriori, $f(\lambda|y)$, está relacionada con la distribución de probabilidad $f(y|\lambda)$ mediante el Teorema de Bayes

$$f(\lambda|y) = \frac{f(y|\lambda) \cdot f(\lambda)}{f(y)}, \quad (2.20)$$

donde $f(y)$ realiza el papel de una constante normalizadora, ya que los valores de y son conocidos. En este caso el método recibe el nombre de estimación por máximo a posteriori (MAP).

Al igual que antes puede definirse el logaritmo neperiano de la función a posteri. Los estimadores de máximo a posteriori se obtiene a partir del sistema de ecuaciones

$$\left. \frac{\partial \mathcal{P}(\lambda|y)}{\partial \lambda_u} \right|_{\hat{\lambda}_u} = 0, \quad \forall u, \quad (2.21)$$

siendo

$$\mathcal{P}(\lambda|y) = \ln f(y|\lambda) + \ln f(\lambda). \quad (2.22)$$

Y la condición adicional $\det[H^{(\mathcal{P})}] > 0$, donde $H^{(\mathcal{P})}$ es la matriz hessiana de \mathcal{P} .

Ambos métodos acaban planteando un sistema de ecuaciones ligadas para el conjunto λ , el cual puede ser no lineal. Esto complica su resolución, por lo que hay que buscar algún método alternativo. Claramente, en el caso de ausencia de información a priori ($f(\lambda)=\text{cte}$) el método MAP se reduce al método MLE. Por ello, en lo que sigue, se abordará otra forma de darle solución al método MAP que es el más general.

Algoritmo de esperanza-maximización (EM)

Este algoritmo, cuyo nombre en inglés es *expectation-maximization algorithm*, fue expuesto por primera vez en [10]. En este artículo se generaliza el procedimiento a seguir aplicado al método ML. A continuación se aplica el mismo desarrollo teórico al caso de MAP.

Para explicar este algoritmo hay que definir un entorno de trabajo basado en dos conjuntos de datos: el incompleto y el completo. El primero recibe su nombre debido a que o bien en el conjunto hay información perdida o bien la información que aporta no permite conocer ciertos aspectos del problema que se trata. Este conjunto, en la notación usada, es el conjunto y , el cual puede ser medido. El segundo es un conjunto que, aunque no puede ser medido, puede definirse de manera que bien no tenga pérdida de información o en el que el problema tenga una formulación más natural y pueda obtenerse la información que con el incompleto no. Este nuevo conjunto se denota como x .

Una vez definido el conjunto completo, se asume que existe la aplicación $x \rightarrow y(x)$. Así, dado x se conoce y ; pero dado y lo que se sabe es que hay un subconjunto $x_y \subset x$ con probabilidad distinta de cero de ocurrir. Dado que la distribución de probabilidad de y depende del conjunto de parámetros λ , entonces la distribución de probabilidad del conjunto x , de forma natural, depende también de los mismos.

La estrategia es incluir en la ecuación (2.22) la dependencia en x . Usando el teorema de Bayes, la distribución de probabilidad $f(y|\lambda)$ puede escribirse

$$f(y|\lambda) = \frac{f(y|x, \lambda) \cdot f(x|\lambda)}{f(x|y, \lambda)}. \quad (2.23)$$

Teniendo en cuenta que dado x , el conjunto y queda bien definido

$$f(y|x, \lambda) = f(y|x), \quad (2.24)$$

por lo que el logaritmo neperiano de (2.23) queda

$$\ln f(y|\lambda) = \ln f(y|x) + \ln f(x|\lambda) - \ln f(x|y, \lambda). \quad (2.25)$$

Los distintos términos dependen de x , pero la función resultante tras realizar las operaciones no.

Dado que el conjunto completo no es observable, no se pueden tener datos del mismo, por lo que incluirlo directamente haría el problema intratable posteriormente. Lo que si puede conocerse es su esperanza matemática o la de cualquier función del mismo dado el par de conjuntos $y, \tilde{\lambda}$. Debido a que se busca estimar el valor de λ , los valores particulares del conjunto de parámetros que se usará para determinar la esperanza se ha denotado como $\tilde{\lambda}$. Teniendo esto en cuenta y tomando la esperanza condicional respecto a $y, \tilde{\lambda}$ de (2.25) como función de x , se obtiene por un lado

$$\mathbb{E}_x[\ln f(y|\lambda)|y, \tilde{\lambda}] = \mathbb{E}_x[\ln f(y|x)|y, \tilde{\lambda}] + \mathbb{E}_x[\ln f(x|\lambda)|y, \tilde{\lambda}] - \mathbb{E}_x[\ln f(x|y, \lambda)|y, \tilde{\lambda}], \quad (2.26)$$

por otro

$$\mathbb{E}_x[\ln f(y|\lambda)|y, \tilde{\lambda}] = \int_{x_y} [\ln f(y|\lambda)] \cdot f(x|y, \tilde{\lambda}) dx = \ln f(y|\lambda), \quad (2.27)$$

y juntando ambas

$$\ln f(y|\lambda) = \mathbb{E}_x[\ln f(y|x)|y, \tilde{\lambda}] + \mathbb{E}_x[\ln f(x|\lambda)|y, \tilde{\lambda}] - \mathbb{E}_x[\ln f(x|y, \lambda)|y, \tilde{\lambda}]. \quad (2.28)$$

La función a maximizar en el método MAP (2.22) se puede expresar, incluyendo el conjunto completo x de forma tratable, como sigue

$$\mathcal{P}(\lambda|y) = \mathbb{E}_x[\ln f(y|x)|y, \tilde{\lambda}] + \mathbb{E}_x[\ln f(x|\lambda)|y, \tilde{\lambda}] - \mathbb{E}_x[\ln f(x|y, \lambda)|y, \tilde{\lambda}] + \ln f(\lambda). \quad (2.29)$$

El término $\mathbb{E}[\ln f(y|x)|y, \tilde{\lambda}]$ no depende de λ , por lo que la función que hay que maximizar es

$$\hat{\mathcal{P}}(\lambda|y) \equiv \mathcal{Q}(\lambda|\tilde{\lambda}) - \mathbb{E}_x[\ln f(x|y, \lambda)|y, \tilde{\lambda}], \quad (2.30)$$

en la cual

$$\mathcal{Q}(\lambda|\tilde{\lambda}) = \mathbb{E}_x[\ln f(x|\lambda)|y, \tilde{\lambda}] + \ln f(\lambda). \quad (2.31)$$

Es importante resaltar que, mientras cada uno de los términos a la derecha del igual de (2.30) dependen del conjunto $\tilde{\lambda}$ usado, su diferencia no.

Se busca entonces el conjunto de valores de los parámetros que maximice $\hat{\mathcal{P}}$, es decir el conjunto $\hat{\lambda}$ que haga

$$\hat{\mathcal{P}}(\hat{\lambda}|y) > \hat{\mathcal{P}}(\lambda|y), \quad \forall \lambda \neq \hat{\lambda}, \quad (2.32)$$

lo que se traduce, teniendo en cuenta (2.30), en que el conjunto $\hat{\lambda}$ es el que hace que

$$\mathcal{Q}(\hat{\lambda}|\tilde{\lambda}) - \mathbb{E}_x[\ln f(x|y, \hat{\lambda})|y, \tilde{\lambda}] > \mathcal{Q}(\lambda|\tilde{\lambda}) - \mathbb{E}_x[\ln f(x|y, \lambda)|y, \tilde{\lambda}], \quad \forall \lambda \neq \hat{\lambda}, \quad \forall \tilde{\lambda}. \quad (2.33)$$

o lo que es lo mismo

$$\mathcal{Q}(\hat{\lambda}|\tilde{\lambda}) - \mathcal{Q}(\lambda|\tilde{\lambda}) > \mathbb{E}_x[\ln f(x|y, \hat{\lambda})|y, \tilde{\lambda}] - \mathbb{E}_x[\ln f(x|y, \lambda)|y, \tilde{\lambda}], \quad \forall \lambda \neq \hat{\lambda}, \quad \forall \tilde{\lambda}. \quad (2.34)$$

Además, si se toma $\tilde{\lambda} \neq \hat{\lambda}$ entonces puede escribirse sin pérdida de generalidad

$$\mathcal{Q}(\hat{\lambda}|\tilde{\lambda}) - \mathcal{Q}(\tilde{\lambda}|\tilde{\lambda}) > \mathbb{E}_x[\ln f(x|y, \hat{\lambda})|y, \tilde{\lambda}] - \mathbb{E}_x[\ln f(x|y, \tilde{\lambda})|y, \tilde{\lambda}], \quad \forall \tilde{\lambda} \neq \hat{\lambda}. \quad (2.35)$$

En el apéndice B, identificando $f(x) = f(x|y, \tilde{\lambda})$ y $g(x) = f(x|y, \hat{\lambda})$, está demostrado que

$$\mathbb{E}_x[\ln f(x|y, \hat{\lambda})|y, \tilde{\lambda}] - \mathbb{E}_x[\ln f(x|y, \tilde{\lambda})|y, \tilde{\lambda}] \geq 0, \quad (2.36)$$

para cualquier par de conjuntos $\tilde{\lambda}, \hat{\lambda}$. La igualdad solo se alcanza cuando $f(x|y, \tilde{\lambda}) = f(x|y, \hat{\lambda})$, por lo que en este caso nunca se dará ya que $\tilde{\lambda} \neq \hat{\lambda}$. Así para el conjunto $\hat{\lambda}$ que maximiza $\hat{\mathcal{P}}(\lambda|y)$ se cumple, combinando (2.35) y (2.36), que

$$\mathcal{Q}(\hat{\lambda}|\tilde{\lambda}) > \mathcal{Q}(\tilde{\lambda}|\tilde{\lambda}), \quad \forall \tilde{\lambda} \neq \hat{\lambda}. \quad (2.37)$$

Es decir, el conjunto $\hat{\lambda}$ es un máximo global de $\mathcal{Q}(\lambda|\tilde{\lambda})$ para cualquier conjunto $\tilde{\lambda}$. Entonces, encontrar el máximo global de $\hat{\mathcal{P}}(\lambda|y)$ es equivalente a encontrar el máximo global de $\mathcal{Q}(\lambda|\tilde{\lambda})$ para cualquier conjunto $\tilde{\lambda}$. La dificultad reside en la forma de encontrar dicho máximo, porque hay que tener en cuenta todos los posibles $\tilde{\lambda}$.

El algoritmo EM propone una solución iterativa a este problema. Dado el conjunto correspondiente a los valores de los parámetros en la n -ésima iteración $\lambda^{(n)}$, los valores de los parámetros en la siguiente iteración, $\lambda^{(n+1)}$, se obtienen en dos pasos

$$\begin{aligned} \text{Paso E: Obtener } & \mathbb{E}_x[\ln f(x|\lambda)|y, \lambda^{(n)}], \\ \text{Paso M: Resolver } & \max_{\lambda^{(n+1)}} \mathcal{Q}(\lambda|\lambda^{(n)}) = \mathbb{E}_x[\ln f(x|\lambda)|y, \lambda^{(n)}] + \ln f(\lambda). \end{aligned} \quad (2.38)$$

Como el máximo global no puede encontrarse de forma directa, en cada iteración lo que se hace es obtener, a partir de unos valores dados de los parámetros, $\lambda^{(n)}$, unos nuevos valores $\lambda^{(n+1)}$ que cumplen que maximizan $\mathcal{Q}(\lambda|\lambda^{(n)})$, por lo que cumplen también

$$\mathcal{Q}(\lambda^{(n+1)}|\lambda^{(n)}) > \mathcal{Q}(\lambda^{(n)}|\lambda^{(n)}). \quad (2.39)$$

Teniendo en cuenta la relación (2.36) y la definición (2.30) en cada iteración lo que se consigue entonces es que

$$\hat{\mathcal{P}}(\lambda^{(n+1)}|y) > \hat{\mathcal{P}}(\lambda^{(n)}|y), \quad (2.40)$$

por lo que realizando el proceso repetidas veces al final se puede encontrar el conjunto de valores que maximice $\hat{\mathcal{P}}(\lambda|y)$. En [11] puede encontrarse un estudio de dos aspectos esenciales de la convergencia del algoritmo EM.

Este algoritmo es especialmente útil cuando los parámetros son independientes a priori, esto es

$$f(\lambda) = \prod_u f(\lambda_u), \quad (2.41)$$

y el conjunto completo x se elige de forma que

$$\mathcal{Q}(\lambda|\tilde{\lambda}) = \sum_u \mathcal{Q}(\lambda_u|\tilde{\lambda}), \quad (2.42)$$

por lo que el paso M de (2.38) resulta en una ecuación cerrada para cada λ_u .

Algoritmo de esperanza-maximización generalizado

Si bien no se cumple (2.42), entonces el paso de maximización devuelve un sistema de ecuaciones para $\{\lambda_u\}$. Como se ha mostrado anteriormente, resolver un sistema de ecuaciones conlleva aplicar un algoritmo iterativo. En definitiva, el algoritmo EM sería un algoritmo iterativo de optimización, donde cada iteración contiene otro algoritmo iterativo de optimización, lo cual es costoso computacionalmente.

La clave del algoritmo EM es que, tras cada iteración, se cumple (2.39), que es lo que lleva a (2.40). De esta manera es posible diseñar otros algoritmos que aseguren que tras cada iteración se cumple (2.39) sin tener que maximizar $\mathcal{Q}(\lambda|\tilde{\lambda})$, evitando tener que resolver un sistema de ecuaciones. Este tipo de algoritmos se denotan, en inglés, como *generalized expectation-maximization algorithms* (GEM).

2.4.3. Reconstrucción de mapa de dosis usando el método estadístico

El conjunto de medidas experimentales $DT = \{DT_v\}$ posee una incertidumbre procedente del propio proceso de medida. La incertidumbre hace que dichas medidas deban modelarse como variables aleatorias con una cierta distribución estadística, la cual dependerá de la naturaleza estadística de la fuente de incertidumbre.

Las tiras de silicio del detector están calibradas a dosis en agua con factores de calibración $W = \{W_v\}$, esto es, experimentalmente lo que se mide es la carga colectada por cada tira en cada posición angular $Q = \{Q_v\}$ de modo que

$$DT_v = W_v \cdot Q_v = q \cdot W_v \cdot N_v, \quad \forall v \quad (2.43)$$

donde q es la carga del electrón y N_v es el número de pares electrón-hueco creados en la tira v .

Suponiendo que los factores de calibración están perfectamente definidos, la fuente de incertidumbre en DT proviene de la incertidumbre en $N = \{N_v\}$. La creación de pares electrón-hueco en un semiconductor es un proceso estadístico. Cuando un electrón llega al semiconductor interacciona tanto con los átomos para ionizarlos y producir pares electrón-hueco, como con la propia red haciéndola vibrar y produciendo fonones. Por ello la estadística que sigue la producción de pares no es poissoniana, sino que hay que introducir el factor de Fano, F . Cuando un cierto electrón μ llega al detector y deposita una energía E_μ , si la energía necesaria para crear un par electrón-hueco en el semiconductor es E_0 , el número de pares que crea es

$$n_\mu = \frac{E_\mu}{E_0}, \quad (2.44)$$

con una varianza

$$\sigma^2(n_\mu) = F \cdot n_\mu. \quad (2.45)$$

Si a la tira v llegan una serie de electrones con distintas energías, el número total de pares que se crean en dicha tira es

$$N_v = \sum_\mu n_\mu. \quad (2.46)$$

Como el número de pares que crea cada electrón es estadísticamente independiente del resto, la varianza del número total de pares que se crean en la tira v es

$$\sigma^2(N_v) = \sigma^2\left(\sum_\mu n_\mu\right) = \sum_\mu \sigma^2(n_\mu) = \sum_\mu F \cdot n_\mu = F \sum_\mu n_\mu = F \cdot N_v. \quad (2.47)$$

En el silicio, $F \sim 0.1$, por lo que la varianza en el número total de pares creados en una tira es menor que si la distribución que siguiera fuese poissoniana, en la cual $\sigma^2(N_v) = N_v$. Ahora bien si $N_v \gg F$, la incertidumbre relativa a la medida

$$\epsilon(N_v) = \frac{\sigma(N_v)}{N_v} = \sqrt{\frac{F}{N_v}} \ll 1, \quad (2.48)$$

por lo que el factor de Fano puede omitirse y tratar N_v como una variable aleatoria con distribución poissoniana de media

$$\overline{N}_v = \frac{1}{q \cdot K_v} \frac{AP}{AT} \sum_u G_{uv} \cdot DP_u, \quad (2.49)$$

por lo que

$$\overline{DT}_v = \frac{AP}{AT} \sum_v G_{uv} \cdot DP_u. \quad (2.50)$$

Ahora bien, el conjunto de factores de calibración W se obtiene también de forma experimental, por lo que está dotado de incertidumbre. Así W es otra fuente de incertidumbre. La varianza de la dosis media en la tira v se calcula entonces teniendo en cuenta (2.43), obteniendo

$$\sigma^2(DT_v) = DT_v^2 \cdot \left(\frac{\sigma^2(K_v)}{K_v^2} + \frac{\sigma^2(N_v)}{N_v^2} \right). \quad (2.51)$$

Si la incertidumbre relativa de K_v es mayor que la de N_v o ambas son parecidas, la dosis media en la tira v sigue la relación

$$DT_v = \frac{AP}{AT} \sum_u G_{uv} \cdot DP_u + \delta_v, \quad (2.52)$$

donde δ_v es una variable aleatoria que sigue una distribución normal de media nula y varianza dada por (2.51). Así DT_v es una variable aleatoria con distribución normal de media dada por (2.50) y varianza dada por (2.51).

Una vez descritas las distribuciones de probabilidad de las medidas experimentales, se aplica el método desarrollado en el apartado anterior para obtener el conjunto de dosis media en los distintos píxeles $DP = \{DP_u\}$ a partir del conjunto de medidas experimentales DT . Para la reconstrucción de mapa de dosis se identifican respecto al caso genérico

$$\begin{aligned} y &\rightarrow DT, \\ \lambda &\rightarrow DP. \end{aligned} \quad (2.53)$$

En primer lugar se aplicará el algoritmo EM a las dos distribuciones de probabilidad descritas sin incluir distribución de probabilidad a priori. Hay que aplicar dicho algoritmo ya que en la expresión (2.50) aparecen los parámetros en un sumatorio, por lo que el método de máxima verosimilitud desembocará en un sistema de ecuaciones. Finalmente se incluye información a priori que reproduzca correlaciones locales entre píxeles y se desarrolla un algoritmo GEM para reconstruir el mapa de dosis sin necesidad de resolver ningún sistema de ecuaciones.

Aplicación del algoritmo EM a la distribución poissoniana

El primer paso es definir el conjunto completo, denotado de forma genérica por x . En este caso el conjunto completo será $n = \{n_{uv}\}$, donde n_{uv} es, del número total de pares creados en la tira v , el número de pares electrón-hueco que se crean en el píxel u . Esto es

$$N_v = \sum_u n_{uv}. \quad (2.54)$$

Al igual que para N_v , se asume que $n_{uv} \gg F$, por lo que es una variable aleatoria con distribución poissoniana de media

$$\bar{n}_{uv} = \frac{1}{q \cdot W_v} \cdot \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \cdot DP_u. \quad (2.55)$$

Las medidas son independientes, por lo que la función de distribución del conjunto n vendrá dada por

$$f(n|DP) = \prod_{u,v} \exp(-\bar{n}_{uv}) \cdot \frac{\bar{n}_{uv}^{n_{uv}}}{n_{uv}!}, \quad (2.56)$$

donde la dependencia en DP_u está incluida en \bar{n}_{uv} . Tomando logaritmo neperiano

$$\ln f(n|DP) = \sum_{u,v} \left[-\frac{1}{q \cdot W_v} \cdot \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \cdot DP_u + n_{uv} \cdot \ln DP_u \right] + \text{TI}(DP), \quad (2.57)$$

donde $\text{TI}(DP)$ significa términos independientes de DP . Se aplica el paso E de (2.38)

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[\ln f(n|DP)|DT, DP^{(n)}] &= \sum_{u,v} \left[-\frac{1}{q \cdot W_v} \cdot \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \cdot DP_u \right] \\ &+ \sum_{u,v} \left[\mathbb{E}(n_{uv}|DT_v, DP^{(n)}) \cdot \ln DP_u \right] + \text{TI}(DP). \end{aligned} \quad (2.58)$$

Hay que calcular el valor esperado de n_{uv} dados DT_v y $DP_u^{(n)}$, o lo que es lo mismo, dados N_v y $n_{uv}^{(n)}$. Esto es sencillo ya que, fijando v , las variables n_{uv} son variables multinomiales dado N_v . El valor esperado viene entonces dado por

$$\mathbb{E}(n_{uv}|N_v, n^{(n)}) = N_v \cdot p(n_{uv}|n^{(n)}) = N_v \cdot \frac{\bar{n}_{uv}^{(n)}}{\sum_u \bar{n}_{uv}^{(n)}}, \quad (2.59)$$

y teniendo en cuenta las relaciones (2.43), (2.55) y (2.50) puede expresarse en función de las magnitudes de interés

$$\mathbb{E}(n_{uv}|DT_v, DP^{(n)}) = \frac{1}{q \cdot W_v} \cdot \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \cdot \frac{DT_v}{DT_v^{(n)}} \cdot DP_u^{(n)}. \quad (2.60)$$

El paso E queda entonces

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[\ln f(n|DP)|DT, DP^{(n)}] &= \sum_{u,v} \left[-\frac{1}{q \cdot W_v} \cdot \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \cdot DP_u \right] \\ &+ \sum_{u,v} \left[\frac{1}{q \cdot W_v} \cdot \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \cdot \frac{DT_v}{DT_v^{(n)}} \cdot DP_u^{(n)} \cdot \ln DP_u \right] \\ &+ \text{TI}(DP). \end{aligned} \quad (2.61)$$

No se introducirá información a priori, por lo que la función $\mathcal{Q}(DP|DP^{(n)})$ queda

$$\begin{aligned} \mathcal{Q}(DP|DP^{(n)}) &= \sum_{u,v} \left[-\frac{1}{q \cdot W_v} \cdot \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \cdot DP_u \right] \\ &+ \sum_{u,v} \left[\frac{1}{q \cdot W_v} \cdot \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \cdot \frac{DT_v}{DT_v^{(n)}} \cdot DP_u^{(n)} \cdot \ln DP_u \right] \\ &+ \text{TI}(DP). \end{aligned} \quad (2.62)$$

Solo queda aplicar el paso M. Tomando la primera derivada de $\mathcal{Q}(DP|DP^{(n)})$ respecto a la dosis media en un determinado pixel

$$\begin{aligned} \frac{\partial \mathcal{Q}(DP|DP^{(n)})}{\partial DP_u} &= \sum_v \left[-\frac{1}{q \cdot W_v} \cdot \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \right] \\ &+ \sum_v \left[\frac{1}{q \cdot W_v} \cdot \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \cdot \frac{DT_v}{\overline{DT}_v^{(n)}} \cdot DP_u^{(n)} \cdot \frac{1}{DP_u} \right]. \end{aligned} \quad (2.63)$$

Haciendo

$$\left. \frac{\partial \mathcal{Q}(DP|DP^{(n)})}{\partial DP_u} \right|_{DP_u^{(n+1)}} = 0, \quad (2.64)$$

y con un poco de álgebra se obtiene

$$DP_u^{(n+1)} = \left(\sum_v \frac{G_{uv}}{K_v} \cdot \frac{DT_v}{\overline{DT}_v^{(n)}} \right) \cdot \left(\sum_v \frac{G_{uv}}{K_v} \right)^{-1} \cdot DP_u^{(n)}. \quad (2.65)$$

Con el algoritmo EM se obtiene una ecuación cerrada para el cálculo del nuevo valor de la dosis media en cada pixel. Además si la dosis media de partida en todos los píxeles son positivas, esta ecuación mantiene la positividad de los valores, lo cual es bastante importante. Como el algoritmo EM es iterativo, puede buscarse que tenga la estructura general de la figura 2.5. El *paso de proyección* puede identificarse con el cálculo de $\overline{DT}_v^{(n)}$, mientras que el *paso de comparación + actualización* sería esta última ecuación hallada.

Aplicación del algoritmo EM a la distribución normal

Se siguen los pasos en el mismo orden que en el caso anterior. Lo primero es definir el conjunto completo, en este caso $DTP = \{DTP_{uv}\}$, donde DTP_{uv} es la fracción de la dosis en la tira v correspondiente a la dosis media en el pixel u , repartiendo el ruido δ_v de forma homogénea entre todos los píxeles que participan en la medida de la tira v , es decir,

$$DTP_{uv} = \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \cdot DP_u + \frac{\Theta(G_{uv})}{\sum_w \Theta(G_{uw})} \delta_v, \quad (2.66)$$

donde

$$\Theta(G_{uv}) = \begin{cases} 1, & \text{si } G_{uv} \geq 0 \\ 0, & \text{si } G_{uv} = 0 \end{cases}. \quad (2.67)$$

La función de distribución del conjunto DTP dado el conjunto DP vendrá dado por

$$f(DTP|DP) = \prod_{u,v} \mathcal{N} \left(\frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \cdot DP_u, \frac{\Theta(G_{uv})}{\sum_w \Theta(G_{uw})} \sigma_v \right). \quad (2.68)$$

Tomando logaritmo neperiano

$$\begin{aligned} \ln f(DTP|DP) &= -\frac{1}{2} \sum_{u,v} \left[\left(DTP_{uv} - \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \cdot DP_u \right) \cdot \left(\frac{\Theta(G_{uv})}{\sum_w \Theta(G_{uw})} \sigma_v \right)^{-1} \right]^2 \\ &+ \text{TI}(DP). \end{aligned} \quad (2.69)$$

Teniendo en cuenta que, fijado v , las variables DTP_{uv} son variables multinomiales dado DT_v , de forma análoga al caso anterior, el paso E queda

$$\begin{aligned} & \mathbb{E}[\ln f(DTP|DP)|DT, DP^{(n)}] \\ &= -\frac{1}{2} \left(\frac{AP}{AT} \right)^2 \sum_{u,v} \left[G_{uv} \left(\frac{DT_v}{DT_v^{(n)}} DP_u^{(n)} - DP_u \right) \cdot \left(\frac{\Theta(G_{uv})}{\sum_w \Theta(G_{uw}) \sigma_v} \right)^{-1} \right]^2 \\ &+ \text{TI}(DP). \end{aligned} \quad (2.70)$$

No se introduce información a priori. Para aplicar el paso M se toma la primera derivada de $\mathcal{Q}(DTP|DT)$ respecto a la dosis media en un determinado pixel

$$\frac{\partial \mathcal{Q}(DP|DP^{(n)})}{\partial DP_u} = \left(\frac{AP}{AT} \right)^2 \sum_v \left(\frac{G_{uv} \cdot \sum_w \Theta(G_{uw})}{\Theta(G_{uv}) \cdot \sigma_v} \right)^2 \left(\frac{DT_v}{DT_v^{(n)}} DP_u^{(n)} - DP_u \right). \quad (2.71)$$

Haciendo

$$\left. \frac{\partial \mathcal{Q}(DP|DP^{(n)})}{\partial DP_u} \right|_{DP_u^{(n+1)}} = 0, \quad (2.72)$$

y con un poco de álgebra se obtiene

$$DP_u^{(n+1)} = \left[\sum_v \left(\frac{G_{uv}}{\sigma_v} \right)^2 \cdot \frac{DT_v}{DT_v^{(n)}} \right] \cdot \left[\sum_v \left(\frac{G_{uv}}{\sigma_v} \right)^2 \right]^{-1} \cdot DP_u^{(n)}. \quad (2.73)$$

Obteniéndose de una ecuación similar al caso poissoniano y con las mismas propiedades que la ecuación obtenida para dicho caso.

Desarrollo de un algoritmo GEM para el problema con distribución de probabilidad a priori de Gibbs

Se introduce en este apartado información a priori que incluya correlaciones locales entre pixeles. La distribución a priori tendrá la forma de la distribución de Gibbs, ver apéndice C. Hay que tener en cuenta entonces el término

$$\ln f(DP) = -\frac{1}{\beta} \sum_{c \in \mathcal{C}} V_c(DP) - \ln Z(\beta). \quad (2.74)$$

Este término liga los parámetros DP en $\mathcal{Q}(DP|DP^{(n)})$. Para no resolver un sistema de ecuaciones, se desarrolla a continuación un algoritmo GEM que en cada iteración haga

$$\mathcal{Q}(DP^{(n+1)}|DP^{(n)}) > \mathcal{Q}(DP^{(n)}|DP^{(n)}). \quad (2.75)$$

El algoritmo GEM que se desarrolla sigue la línea del propuesto en [12]. Es un algoritmo válido para cualquier distribución estadística de los datos experimentales y cualquier forma de los potenciales V_c . La actualización de los valores del conjunto DP se hará pixel a pixel. Lo que se busca es que el nuevo valor de la dosis media en el pixel u , $DP_u^{(n+1)}$, cumpla

$$\mathcal{Q}(DP_u^{(n+1)}, DP_{-u}|DP^{(n)}) > \mathcal{Q}(DP_u^{(n)}, DP_{-u}|DP^{(n)}), \quad (2.76)$$

donde el subíndice $-u$ quiere decir cualquier elemento excepto el u . Mientras que para el pixel u se especifica el valor de la dosis media en dicho pixel en la iteración actual, $DP_u^{(n)}$ o en la siguiente $DP_u^{(n+1)}$; para el valor de la dosis media en resto de pixeles, DP_{-u} , no se especifica puesto que algunos de ellos habrán sido actualizados antes que el pixel u , mientras que otros no.

Para la actualización de los valores se usará el método del gradiente, más específicamente el *coordinate gradient ascent step*, en inglés. Este método consiste en buscar un valor de $\alpha \in [0, 1]$ tal que la actualización del valor de la dosis media en el pixel u , dada por

$$DP_u^{(n+1)} = DP_u^{(n)} + \alpha \cdot m_u \cdot \left. \frac{\partial \mathcal{Q}(DP|DP^{(n)})}{\partial DP_u} \right|_{DP_u^{(n)}, DP_{-u}}, \quad (2.77)$$

cumpla (2.76). El coeficiente m_u puede tomar cualquier valor no negativo. Una vez sentadas las bases del algoritmo GEM, primero se describe la forma de calcular distintos coeficientes necesarios en el algoritmo y después los pasos que se siguen para conseguir (2.76).

Como se ha trabajado con dos distribuciones experimentales distintas y algunos cálculos dependerán de la forma de la distribución, lo que se hace es describir los coeficientes y obtenerlos para el caso de la distribución poissoniana. Al final se recogen cuales serían los distintos coeficientes para la distribución normal, ya que el procedimiento por el que se obtienen es análogo al de Poisson.

La forma de la función $\mathcal{Q}(DP|DP^{(n)})$ para la distribución poissoniana con distribuciones a priori de Gibbs es

$$\begin{aligned} \mathcal{Q}(DP|DP^{(n)}) = & \sum_{u,v} \left[-\frac{1}{q \cdot W_v} \cdot \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \cdot DP_u \right] \\ & + \sum_{u,v} \left[\frac{1}{q \cdot W_v} \cdot \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \cdot \frac{DT_v}{\overline{DT}_v^{(n)}} \cdot DP_u^{(n)} \cdot \ln DP_u \right] \\ & - \frac{1}{\beta} \sum_{c \in \mathcal{C}} V_c(DP) \\ & + \text{TI}(DP). \end{aligned} \quad (2.78)$$

El primer coeficiente, Π_1 , recoge el valor en la iteración actual, n , de los términos de (2.78) en los que participa DP_u . Para el caso poissoniano este es

$$\begin{aligned} \Pi_1 = & \sum_v \left[-\frac{G_{uv}}{W_v} \cdot DP_u^{(n)} + \frac{G_{uv}}{W_v} \cdot \frac{DT_v}{\overline{DT}_v^{(n)}} \cdot DP_u^{(n)} \cdot \ln DP_u^{(n)} \right] \\ & - \frac{1}{\beta^*} \sum_{c \in \mathcal{C}} V_c(DP_u^{(n)}, DP_{-u}), \end{aligned} \quad (2.79)$$

donde puede verse que se han omitido factores constantes, cambiando también la constante $\beta \rightarrow \beta^* = \beta \cdot (AP/AT)/q$. La omisión de los factores puede realizarse porque este coeficiente se usará para comparar, siendo interesante numéricamente que su valor esté lo más directamente relacionado con el valor de $DP_u^{(n)}$.

El siguiente coeficiente, Π_2 , da el valor de la pendiente del logaritmo de la distribución a priori con constante β^* , para el valor en la iteración actual de la dosis media en el pixel u , $DP_u^{(n)}$. Esto es

$$\Pi_2 = -\frac{1}{\beta^*} \sum_{c \in \mathcal{C}} \frac{\partial V_c(DP)}{\partial DP_u} \Big|_{DP_u^{(n)}, DP_{-u}}. \quad (2.80)$$

Aplicando el método del gradiente (2.77) a la distribución poissoniana se obtiene

$$\begin{aligned} DP_u^{(n+1)} &= DP_u^{(n)} \\ &+ \alpha \cdot m_u \cdot \sum_v \left[-\frac{1}{q \cdot W_v} \cdot \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} + \frac{1}{q \cdot W_v} \cdot \frac{AP}{AT} \cdot G_{uv} \cdot \frac{DT_v}{DT_v^{(n)}} \right] \\ &- \alpha \cdot m_u \cdot \frac{1}{\beta} \sum_{c \in \mathcal{C}} \frac{\partial V_c(DP)}{\partial DP_u} \Big|_{DP_u^{(n)}, DP_{-u}}. \end{aligned} \quad (2.81)$$

La idea es elegir un m_u de manera que esta expresión quede en función de parámetros ya conocidos. La elección más conveniente es

$$m_u = \frac{q}{(AP/AT)} \cdot \left(\sum_v \frac{G_{uv}}{W_v} \right)^{-1} \cdot DP_u^{(n)}. \quad (2.82)$$

De esta manera la ecuación de actualización de la dosis media en el pixel u queda

$$DP_u^{(n+1)} = (1 - \alpha) \cdot DP_u^{(n)} + \alpha \cdot \left[DP_u^{\text{EM}(n+1)} + \left(\sum_v \frac{G_{uv}}{W_v} \right)^{-1} \cdot DP_u^{(n)} \cdot \Pi_2 \right], \quad (2.83)$$

donde $DP_u^{\text{EM}(n+1)}$ es la actualización de la dosis media en el pixel u que se obtiene con el algoritmo EM cuando no se tiene en cuenta la distribución a priori y que viene dado por (2.65). Es útil definir un nuevo coeficiente, Π_3 , para simplificar la notación y ahorrar tiempo de cálculo en el algoritmo GEM. Este es

$$\Pi_3 = DP_u^{\text{EM}(n+1)} + \left(\sum_v \frac{G_{uv}}{W_v} \right)^{-1} \cdot DP_u^{(n)} \cdot \Pi_2, \quad (2.84)$$

de manera que la ecuación de actualización se simplifica a

$$DP_u^{(n+1)} = (1 - \alpha) \cdot DP_u^{(n)} + \alpha \cdot \Pi_3. \quad (2.85)$$

El último coeficiente que se necesita, Π_4 , es equivalente a Π_1 pero con los valores actualizados de la dosis promedio en el pixel u , es decir,

$$\begin{aligned} \Pi_4 &= \sum_v \left[-\frac{G_{uv}}{W_v} \cdot DP_u^{(n+1)} + \frac{G_{uv}}{W_v} \cdot \frac{DT_v}{DT_v^{(n)}} \cdot DP_u^{(n)} \cdot \ln DP_u^{(n+1)} \right] \\ &- \frac{1}{\beta^*} \sum_{c \in \mathcal{C}} V_c(DP_u^{(n+1)}, DP_{-u}). \end{aligned} \quad (2.86)$$

Se recogen los coeficientes para el caso de la distribución normal. El coeficiente Π_1 viene dado por

$$\Pi_1 = -\frac{1}{2} \sum_v \left[\frac{G_{uv}}{\sigma_v} \left(\frac{DT_v}{DT_v^{(n)}} \cdot DP_u^{(n)} - DP_u^{(n)} \right) \right]^2 - \frac{1}{\beta^*} \sum_{c \in \mathcal{C}} V_c(DP_u^{(n)}, DP_{-u}), \quad (2.87)$$

con $\beta^* = \beta \cdot (AP/AT)^2 \cdot \sum_w \Theta(G_{uw})$. El coeficiente Π_2 es igual que (2.80) porque no depende de la distribución de los datos experimentales. El coeficiente m_u mas conveniente en este caso es

$$m_u = \frac{1}{(AP/AT)^2} \cdot \frac{1}{\sum_w \Theta(G_{uw})} \left[\sum_v \left(\frac{G_{uv}}{\sigma_v} \right)^2 \right]^{-1}, \quad (2.88)$$

que hace que la ecuación de actualización tenga la misma forma que (2.85) pero con

$$\Pi_3 = DP_u^{\text{EM}(n+1)} + \left[\sum_v \left(\frac{G_{uv}}{\sigma_v} \right)^2 \right]^{-1} \cdot \Pi_2, \quad (2.89)$$

y donde $DP_u^{\text{EM}(n+1)}$ viene dado por (2.73). Finalmente el coeficiente Π_4 en este caso tiene la forma

$$\Pi_4 = -\frac{1}{2} \sum_v \left[\frac{G_{uv}}{\sigma_v} \left(\frac{DT_v}{DT_v^{(n)}} \cdot DP_u^{(n)} - DP_u^{(n+1)} \right) \right]^2 - \frac{1}{\beta^*} \sum_{c \in \mathcal{C}} V_c(DP_u^{(n+1)}, DP_{-u}). \quad (2.90)$$

Como ya se ha mencionado anteriormente, el algoritmo GEM planteado busca pixel a pixel un valor de $\alpha \in [0, 1]$, de manera que el valor actualizado del pixel cumpla (2.76). En el paso de actualización (2.77) se aprecia que

$$\alpha \rightarrow 0 \Rightarrow DP_u^{(n+1)} \rightarrow DP_u^{(n)}, \quad (2.91)$$

por lo que la búsqueda debe empezar por el mayor valor permitido de α , $\alpha_{\text{máx}}$. Se habla de mayor valor permitido porque el paso de actualización, para un conjunto de valores positivos $DP^{(n)}$, debe mantener la positividad de los mismos en la siguiente iteración, es decir

$$DP_u^{(n+1)} \geq 0. \quad (2.92)$$

Entonces para unos valores dados de $DP_u^{(n)}$ y Π_3 , teniendo en cuenta (2.85), se debe cumplir

$$\alpha (\Pi_3 - DP_u^{(n)}) \geq DP_u^{(n)}. \quad (2.93)$$

Se dan dos casos

$$\begin{cases} \text{Si } \Pi_3 - DP_u^{(n)} > 0 & \Rightarrow \alpha \geq -\frac{DP_u^{(n)}}{\Pi_3 - DP_u^{(n)}} < 0 \\ \text{Si } \Pi_3 - DP_u^{(n)} < 0 & \Rightarrow \alpha \leq -\frac{DP_u^{(n)}}{\Pi_3 - DP_u^{(n)}} > 0 \end{cases}. \quad (2.94)$$

Mientras que en el primer caso α no tiene ninguna cota superior por lo que el mayor valor permitido será $\alpha_{\text{máx}} = 1$, en el segundo caso si que la tiene por lo que $0 \leq \alpha_{\text{máx}} \leq 1$.

Se desarrolla un algoritmo para calcular $\alpha_{\text{máx}}$ a partir de los valores de $DP_u^{(n)}$ y Π_3 sin tener que usar un bucle *if*. Se empieza calculando el coeficiente

$$\alpha_1 = -\frac{DP_u^{(n)}}{\Pi_3 - DP_u^{(n)}}. \quad (2.95)$$

Este puede tomar cualquier valor real. Es interesante dividir los posibles valores en tres grupos, de manera que el valor buscado $\alpha_{\text{máx}}$ dependerá del grupo en el que esté el valor α_1 como sigue

$$\begin{cases} \text{Si } \alpha_1 < 0 & \Rightarrow \alpha_{\text{máx}} = 1 \\ \text{Si } 0 < \alpha_1 \leq 1 & \Rightarrow \alpha_{\text{máx}} = \alpha_1 \\ \text{Si } \alpha_1 > 1 & \Rightarrow \alpha_{\text{máx}} = 1 \end{cases}. \quad (2.96)$$

Los siguientes pasos son

$$\alpha_2 = \frac{1}{\alpha_1} \begin{cases} \alpha_2 < 0, & \text{si } \alpha_1 < 0 \\ \alpha_2 \geq 1, & \text{si } 0 < \alpha_1 \leq 1 \\ 0 < \alpha_2 < 1, & \text{si } \alpha_1 > 1 \end{cases} \quad (2.97)$$

$$\alpha_3 = \alpha_2 - 1 \begin{cases} \alpha_3 < 0, & \text{si } \alpha_1 < 0 \\ \alpha_3 \geq 0, & \text{si } 0 < \alpha_1 \leq 1 \\ \alpha_3 < 0, & \text{si } \alpha_1 > 1 \end{cases} \quad (2.98)$$

$$\alpha_4 = \frac{\alpha_3 + |\alpha_3|}{2} \begin{cases} \alpha_4 = 0, & \text{si } \alpha_1 < 0 \\ \alpha_4 = \alpha_3 \geq 0, & \text{si } 0 < \alpha_1 \leq 1 \\ \alpha_4 = 0, & \text{si } \alpha_1 > 1 \end{cases} \quad (2.99)$$

$$\alpha_5 = \alpha_4 + 1 \begin{cases} \alpha_5 = 1, & \text{si } \alpha_1 < 0 \\ \alpha_5 = 1/\alpha_1 \geq 1, & \text{si } 0 < \alpha_1 \leq 1 \\ \alpha_5 = 1, & \text{si } \alpha_1 > 1 \end{cases} \quad (2.100)$$

El máximo valor permitido se calcula entonces

$$\alpha_{\text{máx}} = \frac{1}{\alpha_5} \begin{cases} \alpha_{\text{máx}} = 1, & \text{si } \alpha_1 < 0 \\ \alpha_{\text{máx}} = \alpha_1, & \text{si } 0 < \alpha_1 \leq 1, \\ \alpha_{\text{máx}} = 1, & \text{si } \alpha_1 > 1 \end{cases} \quad (2.101)$$

que es lo que se quería conseguir en (2.96).

Una vez conocida la forma de calcular los distintos coeficientes, solo queda describir los pasos que forman este algoritmo GEM. En cada iteración, a partir de $DP^{(n)}$ y $DP^{\text{EM}(n+1)}$, se visita pixel a pixel y se siguen los siguientes pasos

- PASO 1. Calcular los coeficientes Π_1 , Π_2 y Π_3 .

- PASO 2. Calcular $\alpha_{\text{máx}}$.

- PASO 3. Inicializar $\Pi_4 = \Pi_1 - 1$ y $\alpha = \alpha_{\text{máx}}$.

- PASO 4. Mientras que $\Pi_4 < \Pi_1$

PASO 4.1. Calcular $DP_u^{(n+1)} = (1 - \alpha)DP_u^{(n)} + \alpha \cdot \Pi_3$.

PASO 4.2. Calcular Π_4 con el valor $DP_u^{(n+1)}$ calculado en el paso anterior

PASO 4.3. Hacer $\alpha = \alpha/2$.

- PASO 5. Hacer $DP_u = DP_u^{(n+1)}$

El paso 4 es el que asegura que se cumpla (2.76). Para ello, partiendo de $\alpha = \alpha_{\text{máx}}$, actualiza el valor del pixel. Si este valor no lleva a que $\Pi_4 > \Pi_1$, entonces toma un nuevo valor de α que es la mitad que el anterior y vuelve a actualizar el pixel para dicho valor. El proceso se repite hasta hallar el valor de α adecuado.

Por último, solo queda especificar los potenciales que se usarán para realizar la reconstrucción en este trabajo. Solo tendremos en cuenta interacción de pares en un vecindario de orden dos. La función energía será de la forma

$$U(DP) = \sum_{c \in \mathcal{C}} V_c(DP) = \sum_u \sum_{\substack{u' > u \\ u' \in \Omega_u}} \kappa_{uu'} \cdot V(DP_u, DP_{u'}), \quad (2.102)$$

donde Ω_u es el vecindario del pixel u y el coeficiente $\kappa_{uu'}$ toma los valores

$$\kappa_{uu'} = \begin{cases} 1, & \text{si } u' \text{ está en la vertical o la horizontal de } u \\ 1/\sqrt{2}, & \text{si } u' \text{ está en la diagonal de } u \end{cases}. \quad (2.103)$$

En [13] se encuentra una breve discusión sobre las propiedades que deben de cumplir las funciones de potencial. En este trabajo se verá el efecto que producen cuatro potenciales distintos

$$V_1(DP_u, DP_{u'}) = (DP_u - DP_{u'})^2, \quad (2.104)$$

$$V_2(DP_u, DP_{u'}) = \begin{cases} (DP_u - DP_{u'})^2/2\delta, & \text{si } |DP_u - DP_{u'}| \leq \delta \\ |DP_u - DP_{u'}| - \delta/2, & \text{otro caso} \end{cases}, \quad (2.105)$$

$$V_3(DP_u, DP_{u'}) = \ln \left[1 + \frac{(DP_u - DP_{u'})^2}{\delta^2} \right], \quad (2.106)$$

$$V_4(DP_u, DP_{u'}) = \frac{(DP_u - DP_{u'})^2}{\delta^2 + (DP_u - DP_{u'})^2}. \quad (2.107)$$

El primero de ellos, $V_1(\cdot)$, penaliza la diferencia entre valores de los pixeles de manera que cuanto mayor es la diferencia, mayor es la penalización, por lo que favorecerá que la imagen sea suave en todos sus puntos. La función de Hubert, $V_2(\cdot)$, se comporta como una función cuadrática cuando la diferencia es pequeña y de forma lineal cuando la diferencia sobrepasa el umbral determinado por δ . El comportamiento lineal hace que la tasa de penalización tras el umbral no cambie, por lo que no diferencia entre variaciones suaves y abruptas, no penalizando así la existencia de bordes. En las dos últimas, $V_3(\cdot)$ y $V_4(\cdot)$, la tasa de penalización disminuye una vez pasado el umbral dado por δ , favoreciendo así la presencia de bordes.

Capítulo 3

Resultados

En este capítulo se muestran los resultados del modelado del detector así como la reconstrucción de varios mapas de dosis usando los métodos EM y GEM.

3.1. Modelado del detector

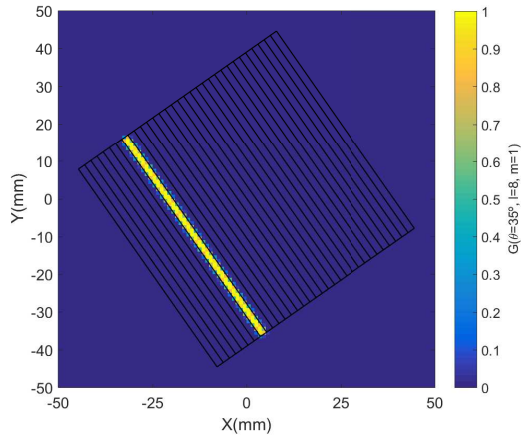
Se muestra un ejemplo del cálculo del valor de los coeficientes G_{ijklm} en la figura 3.1. Se comprueba que el algoritmo propuesto calcula dichos coeficientes correctamente. Los píxeles que están contenidos completamente en la tira tienen $G_{ijklm} = 1$, mientras que los que están al completo fuera tienen $G_{ijklm} = 0$. Para los píxeles que tienen parte de su área dentro y parte fuera de la tira, el valor del coeficiente se acerca más a la unidad cuanto mayor sea el área del mismo dentro de la tira.

Para comprobar que la respuesta del detector modelada es correcta, se muestra la lectura del mismo para un mapa de dosis sencillo en distintas posiciones angulares en la figura 3.2.

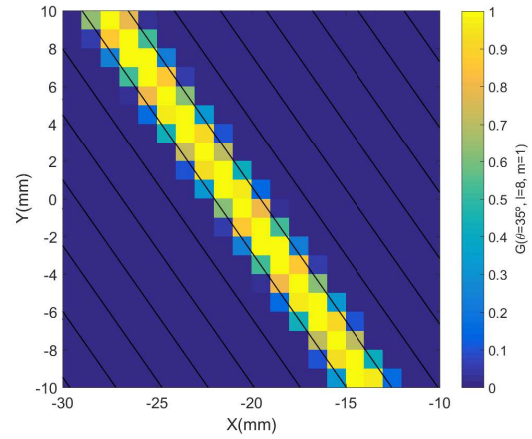
En el caso $\theta = 0^\circ$ la lectura de todas las tiras del detector con $m = 1$ es la misma, puesto que, como se ve en la figura 3.2(a), todas tienen la mitad del área la parte del mapa de dosis más baja y la otra mitad en la parte del mapa de dosis más alta, por lo que la dosis media en cada tira será la mitad de esos dos valores. En el caso del detector con $m = 2$, ver figura 3.2(b), la primera mitad de las tiras están en la zona de dosis más baja y la segunda mitad en la zona de dosis más alta por lo que se tendrán dos respuestas distintas. Como el mapa de dosis a lo largo de las tiras es homogéneo, la dosis media en cada tira será igual al valor de la dosis de la zona en la que esté. Todo esto puede comprobarse en la figura 3.2(c).

En el caso $\theta = 50^\circ$ las lecturas tienen un comportamiento diferente. Para el detector con $m = 1$, se observa en la figura 3.2(d), que tanto las tres primeras tiras como las tres últimas tienen su área completa en una zona de dosis homogénea, por lo que su medida será igual al valor de la dosis de la zona en la que estén. La cuarta tira tiene casi todo su área en la zona de dosis más alta, pero conforme se avanza en número de tira, cada vez el área de la tira en la zona de dosis más alta se va reduciendo. Esto conlleva a que la dosis

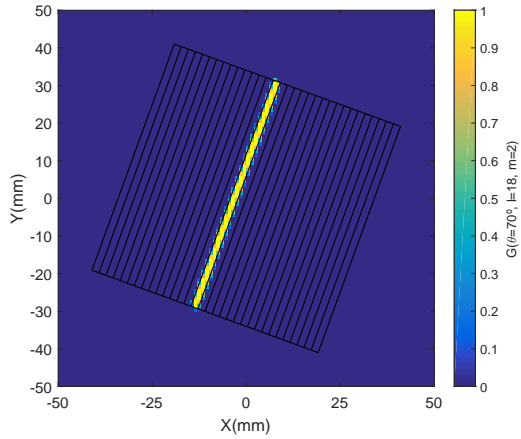
media, según se avanza en el número de tira, vaya decreciendo. Esto pasa también para todas las tiras en el detector con $m = 2$, que conforme se avanza en el número de la tira hay más área de la tira en la zona de dosis más baja como se aprecia en la figura 3.2(e), por lo que la dosis media en la tira decrece con el número de tira. Efectivamente esto es lo que se ve en la figura 3.2(f), donde además se aprecia que la dosis en las tiras en el detector con $m = 1$ decrecen mucho más rápido que en las tiras del detector con $m = 2$.



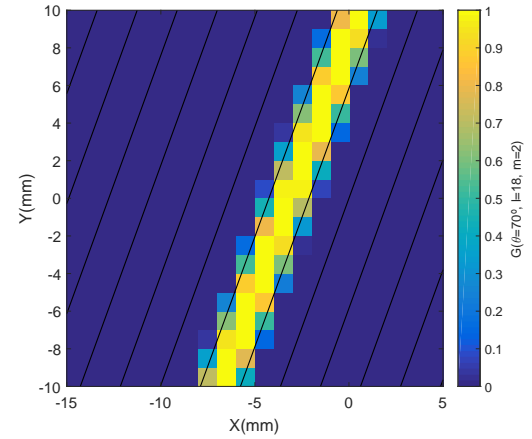
(a) $G(\theta = 35^\circ, l = 8, m = 1)$



(b) $G(\theta = 35^\circ, l = 8, m = 1)$. Ampliado.

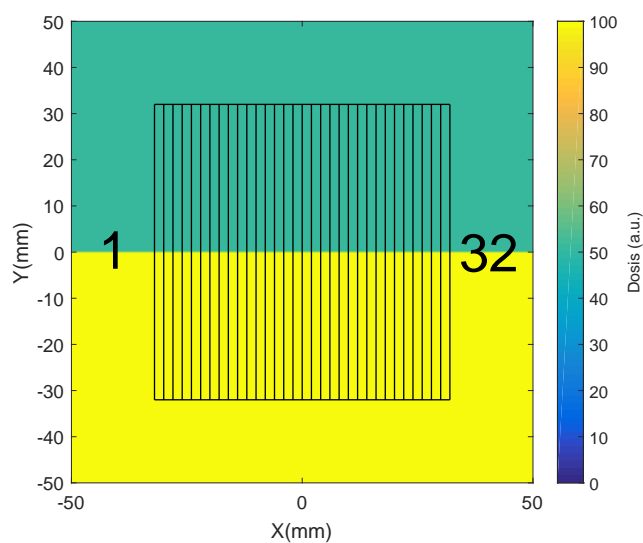
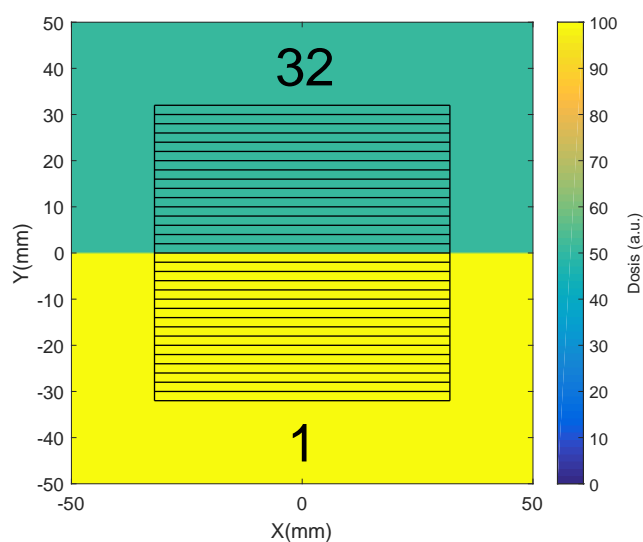
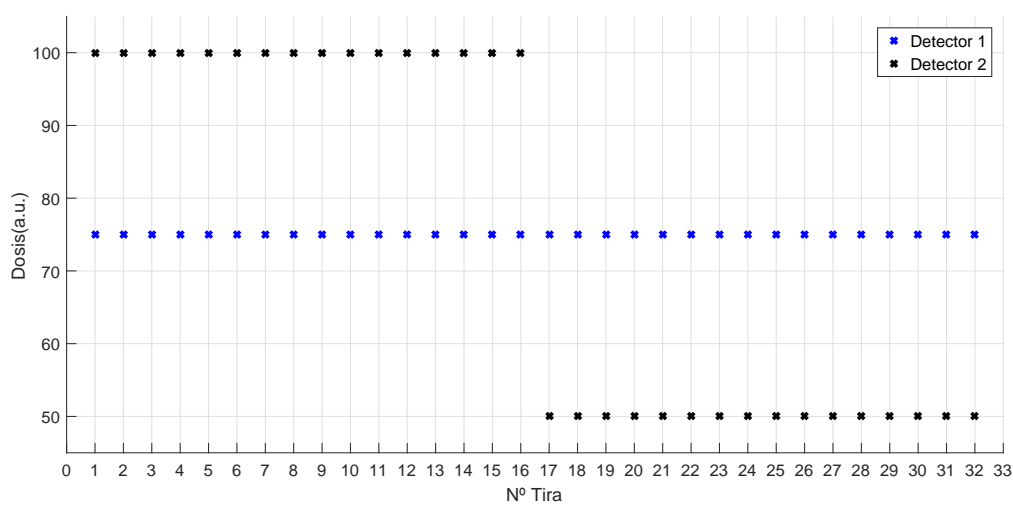


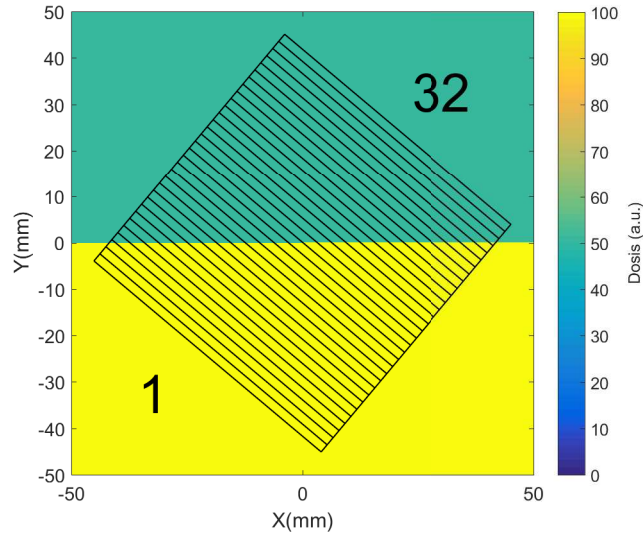
(c) $G(\theta = 70^\circ, l = 18, m = 2)$



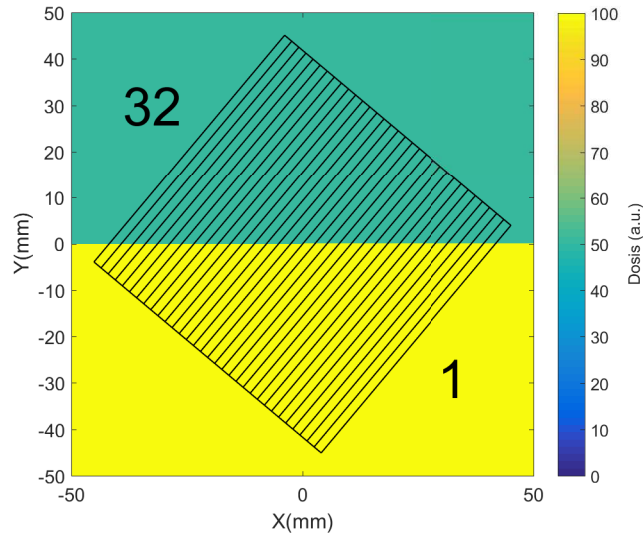
(d) $G(\theta = 70^\circ, l = 18, m = 2)$. Ampliado.

Figura 3.1: Valores de los coeficientes geométricos para una tira de cada uno de los dos detectores en una posición angular determinada.

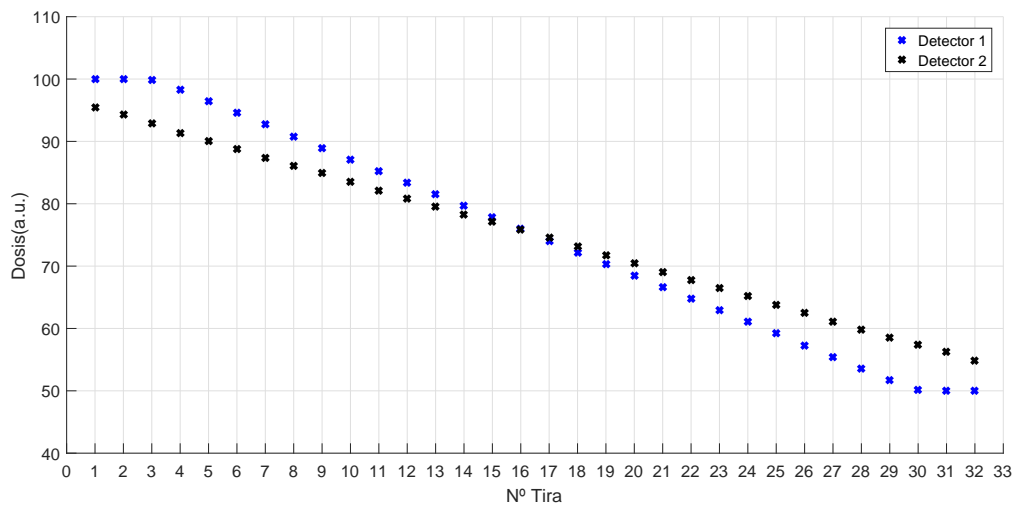
(a) Detector con $m = 1$ en posición $\theta = 0^\circ$ (b) Detector con $m = 2$ en posición $\theta = 0^\circ$ (c) Respuesta de los detectores al mapa de dosis para $\theta = 0^\circ$



(d) Detector con $m = 1$ en posición $\theta = 50^\circ$



(e) Detector con $m = 2$ en posición $\theta = 50^\circ$



(f) Respuesta de los detectores al mapa de dosis para $\theta = 50^\circ$

Figura 3.2: Lectura de los detectores para un caso sencillo.

3.2. Reconstrucción de mapa de dosis

Con los algoritmos EM y GEM se pueden realizar una gran cantidad de pruebas distintas para conocer las ventajas y las limitaciones de dichos métodos de reconstrucción. En esta sección se recogen las reconstrucciones de distintos mapas para poner de manifiesto las características de los mismos que se consiguen reproducir, así como aquellas que necesitan de nuevos métodos en los que hay que investigar para obtener reconstrucciones de mayor calidad en un futuro.

3.2.1. Reconstrucción de mapas artificiales sin información a priori usando el algoritmo EM

Para el caso de la reconstrucción con distribución poissoniana, como experimentalmente los coeficientes W_u son prácticamente iguales, se tomará $W_v = W_{v'} = \text{cte} \forall v, v'$. Para el caso de la distribución normal, la desviación estándar será $\sigma_v = DT_v \cdot \epsilon_v$, donde ϵ_v es el error relativo. Se tomarán $\epsilon_v = \epsilon_{v'} = \text{cte} \forall v, v'$. Todos los mapas se reconstruyen partiendo de un mapa homogéneo.

Se reconstruye, en primer lugar, un mapa con las condiciones más ideales posibles. Estas son que sea nulo fuera del círculo inscrito en el detector, que tenga una variación suave y sin incertidumbre estadística. El mapa original se muestra en la figura 3.3. La reconstrucción se realiza con la misma cuadrícula (tamaño y posición de los píxeles) que el mapa reconstruido. La reconstrucción se muestra en la figura 3.4 y las características de la misma se muestran en el pie de figura.

Se obtiene una reconstrucción prácticamente idéntica, con ligeras diferencias en los valores de los píxeles. Se estudia que ocurre si se toma un tamaño del pixel más pequeño que el mapa original. El resultado se muestra en la figura 3.5. A menor tamaño del pixel, mayor es la resolución, pero también se hace mayor el ruido. En este caso, dividiendo cada pixel del mapa original en cuatro, el mapa reconstruido se difumina. Esto se debe a que pueden existir distintas combinaciones de valores medios en las cuatro áreas de los nuevos píxeles que mantengan el valor medio en el área total del pixel original. Tomando el valor medio de cuatro en cuatro píxeles en la figura 3.5, se obtiene la figura 3.6, donde puede verse que se recupera la forma de la figura 3.4.

Por tanto una de las ventajas de este método es que, con los mismos datos experimentales, pueden reconstruirse mapas con distinto tamaño de pixel. Si en alguna zona del mapa la resolución elegida es mayor que la original, esa zona aparecerá difuminada en la reconstrucción, pero puede recuperarse su resolución original promediando en los píxeles de la zona del mapa difuminado.

Se realiza ahora el estudio de la reconstrucción de un mapa también nulo en el exterior del círculo circunscrito en el detector y sin incertidumbre estadística, pero en este caso está formado por una zona homogénea que acaba en un gradiente alto de dosis, es decir, con bordes muy definidos. Este mapa se recoge en la figura 3.7 y la reconstrucción en la figura 3.8. Por un lado el algoritmo EM sin información a priori no reproduce bien las zonas homogéneas, sino que aparecen numerosas irregularidades en ellas. Por otro el

gradiente es mucho menos abrupto que el original. Entonces es necesario aplicar otros métodos para obtener mapas con zonas homogéneas y bordes bien definidos.

Una de las características ya mencionadas que diferencia la reconstrucción de mapa de dosis de la reconstrucción de imagen médica y por la que no se puede aplicar los métodos basados en la transformada de Radon es que el mapa de dosis es no nulo en el exterior del círculo inscrito al detector. El mapa de la figura 3.9 posee esta característica y en la figura 3.10 se presenta la reconstrucción para las dos distribuciones. Aunque el mapa sea no nulo en el exterior del círculo inscrito en el detector es posible realizar la reconstrucción. Se distinguen dos zonas, la interior a la circunferencia inscrita en el detector y la zona que queda entre la circunferencia inscrita y la circunscrita. La reconstrucción en la primera zona es de mayor calidad que en la segunda. Esto ocurre debido a que el círculo inscrito se mide por completo en todas las posiciones angulares, mientras que en una posición angular determinada solo se mide una parte de la zona que queda entre el círculo inscrito y el circunscrito.

Comparando las figuras 3.8 y 3.10(a), se aprecia que en ambas existen irregularidades parecidas en la zona homogénea. En el segundo caso, se obtiene un valor de dosis en la zona homogénea más pequeño que en el primer caso y respecto al gradiente de la dosis, en el segundo caso es más suave que en el primero. Existen diferencias también en la reconstrucción usando el método EM para la distribución de Poisson, figura 3.10(a), y para la distribución normal, figura 3.10(b). En el caso de la distribución normal, las irregularidades son más acusadas, pero el valor de la dosis y el gradiente se parecen más al mapa real que en el caso de la distribución poissoniana.

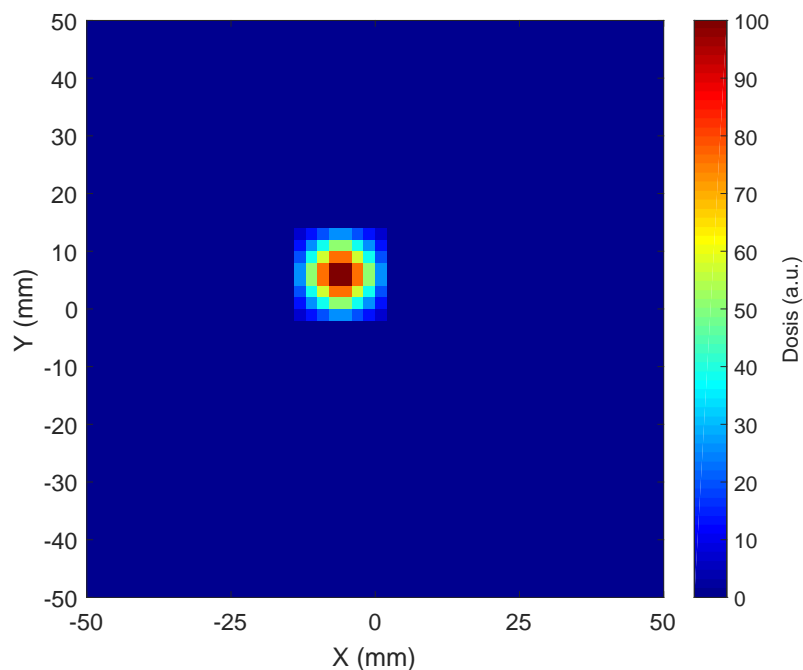


Figura 3.3: Mapa nulo en el exterior del círculo inscrito en el detector, con variación suave y sin incertidumbre estadística. Tamaño: 50x50 píxeles. Área del pixel: 2x2 mm².

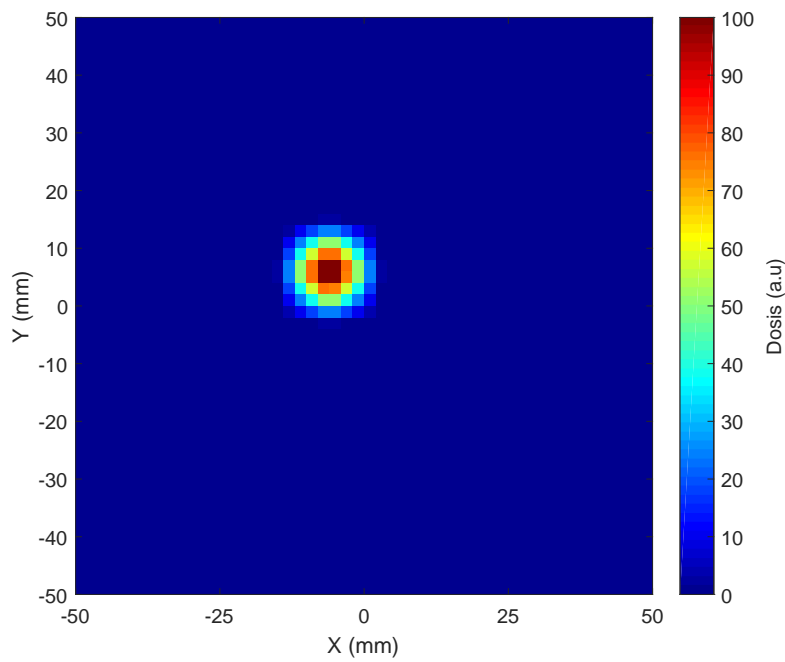


Figura 3.4: Reconstrucción del mapa de la figura 3.3 usando el Método EM con distribución poissoniana. Medidas experimentales tomadas entre 0° y 85° con paso de 5° . Tamaño: 50x50 píxeles. Área del pixel: $2 \times 2 \text{ mm}^2$. Número de iteraciones: 15. Tiempo de reconstrucción: 3.29s.

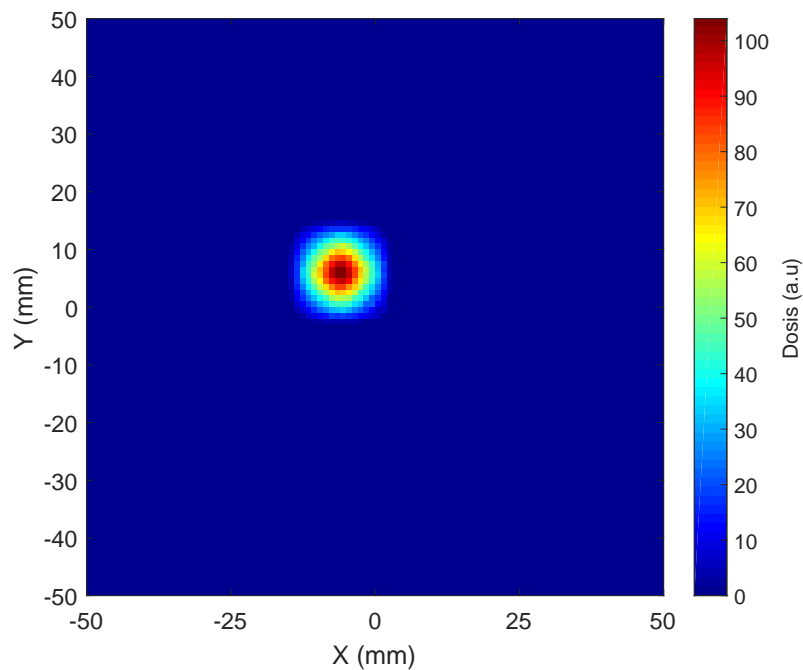


Figura 3.5: Reconstrucción del mapa de la figura 3.3 usando el Método EM con distribución poissoniana. Medidas experimentales tomadas entre 0° y 85° con paso de 5° . Tamaño: 100x100 píxeles. Área del pixel: $1 \times 1 \text{ mm}^2$. Número de iteraciones: 15. Tiempo de reconstrucción: 12.81s.

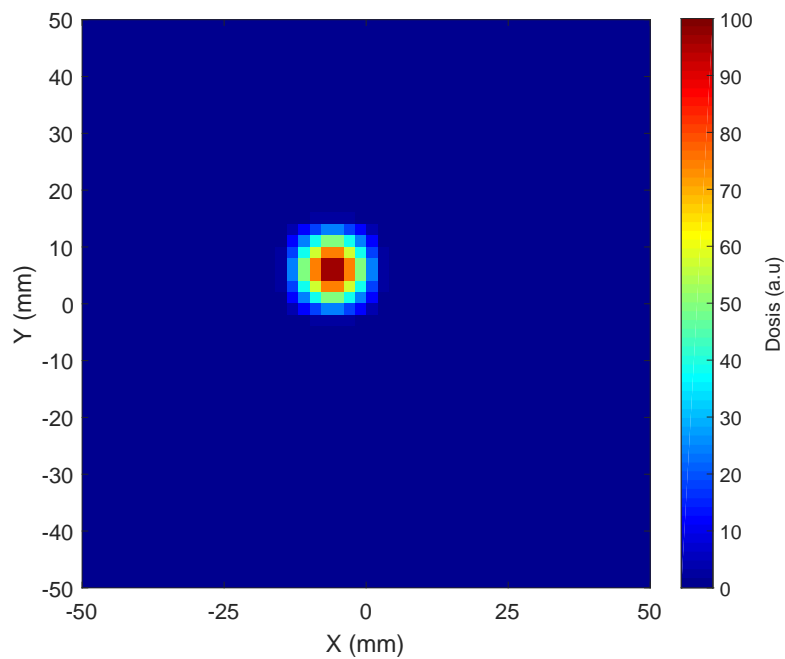


Figura 3.6: Mapa obtenido realizando el promedio de los valores de cuatro en cuatro píxeles del mapa de la figura 3.5.

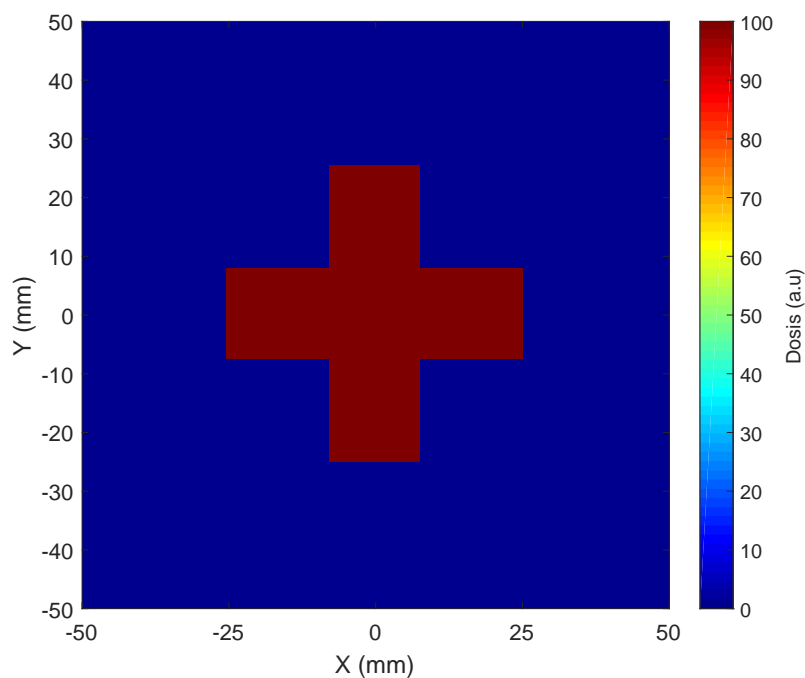


Figura 3.7: Mapa nulo en el exterior del círculo inscrito en el detector, sin incertidumbre estadística y con una zona homogénea acabada en un gradiente de dosis. Tamaño: 200x200 píxeles. Área del pixel: $0.5 \times 0.5 \text{ mm}^2$.

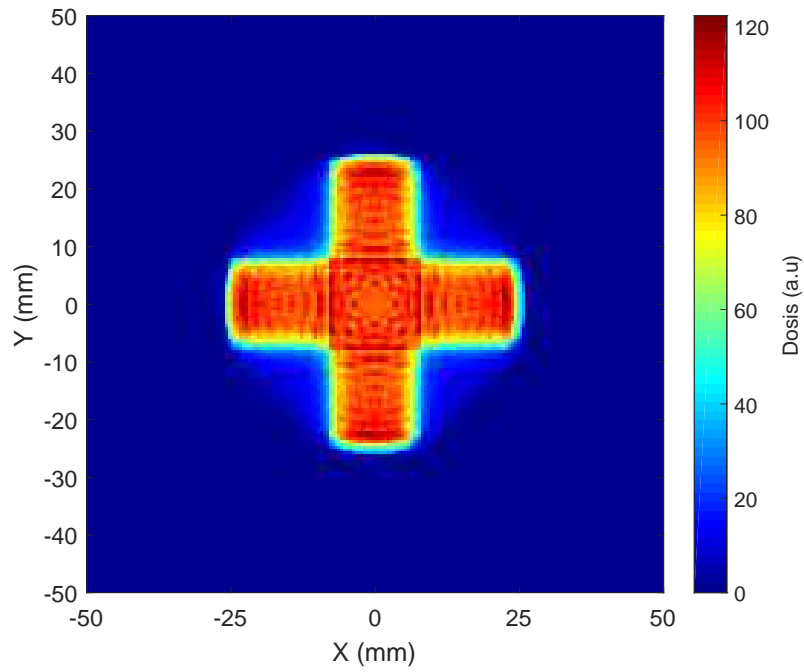


Figura 3.8: Reconstrucción del mapa de la figura 3.7 usando el Método EM con distribución poissoniana. Medidas experimentales tomadas entre 0° y 85° con paso de 5° . Tamaño: 200x200 píxeles. Área del pixel: $0.5 \times 0.5 \text{ mm}^2$. Número de iteraciones: 15. Tiempo de reconstrucción: 59.46s.

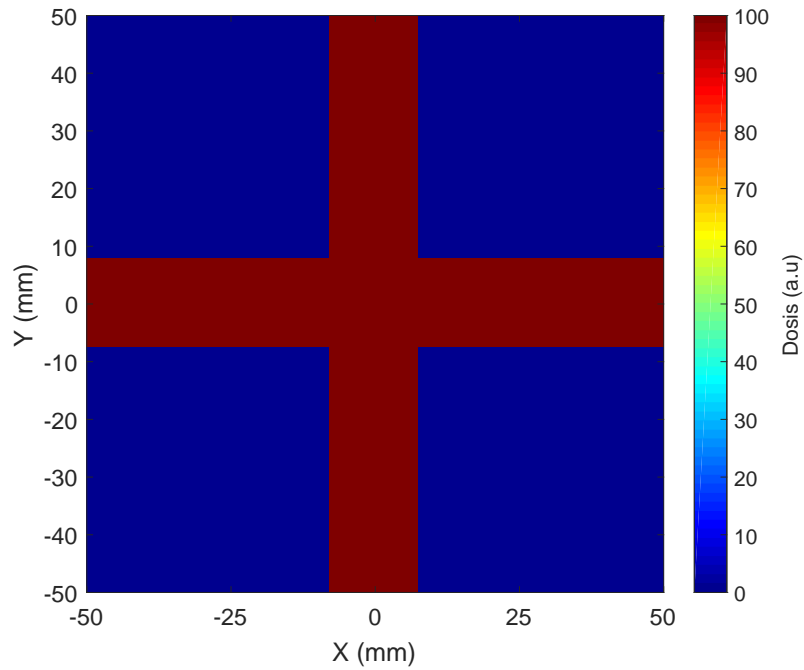
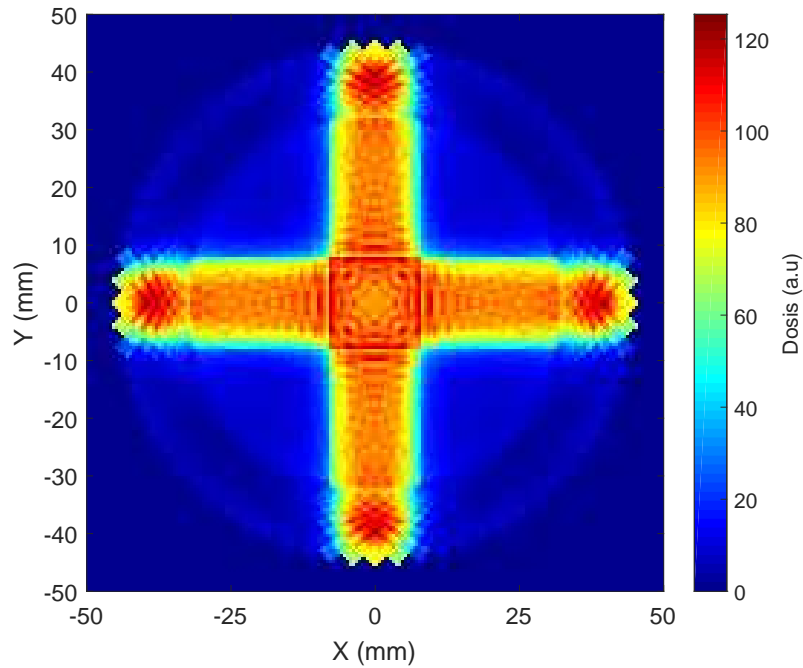
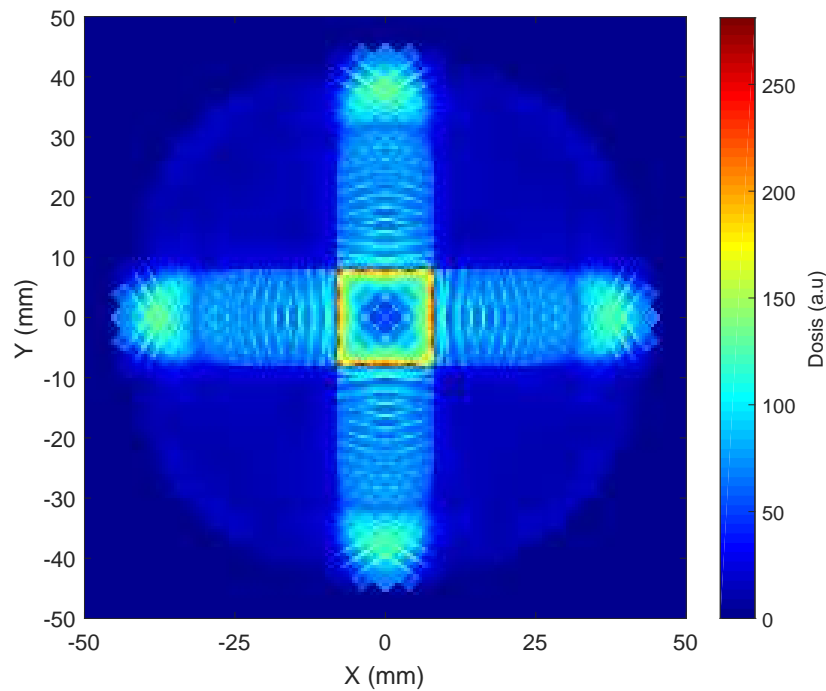


Figura 3.9: Mapa no nulo en el exterior del círculo inscrito en el detector y sin incertidumbre estadística. Tamaño: 200x200 píxeles. Área del pixel: $0.5 \times 0.5 \text{ mm}^2$.



(a) Reconstrucción del mapa de la figura 3.9 usando el Método EM con distribución poissoniana. Medidas experimentales tomadas entre 0° y 85° con paso de 5° . Tamaño: 200×200 píxeles. Área del pixel: $0.5 \times 0.5 \text{ mm}^2$. Número de iteraciones: 15. Tiempo de reconstrucción: 61.60s.



(b) Reconstrucción del mapa de la figura 3.9 usando el Método EM con distribución gaussiana. Medidas experimentales tomadas entre 0° y 85° con paso de 5° . Tamaño: 200×200 píxeles. Área del pixel: $0.5 \times 0.5 \text{ mm}^2$. Número de iteraciones: 15. Tiempo de reconstrucción: 61.90s.

Figura 3.10: Reconstrucción del mapa de la figura 3.9 usando el Método EM para las dos distribuciones estudiadas.

Hasta ahora se han reconstruido mapas simples y sin incertidumbre estadística. El siguiente paso es entonces reconstruir un mapa más complejo dotado de incertidumbre. El mapa elegido es el mapa de dosis de un tratamiento real calculado por el planificador del hospital, figura 3.11, sobre el que se ha aplicado un ruido poissoniano como se ve en la figura 3.12.

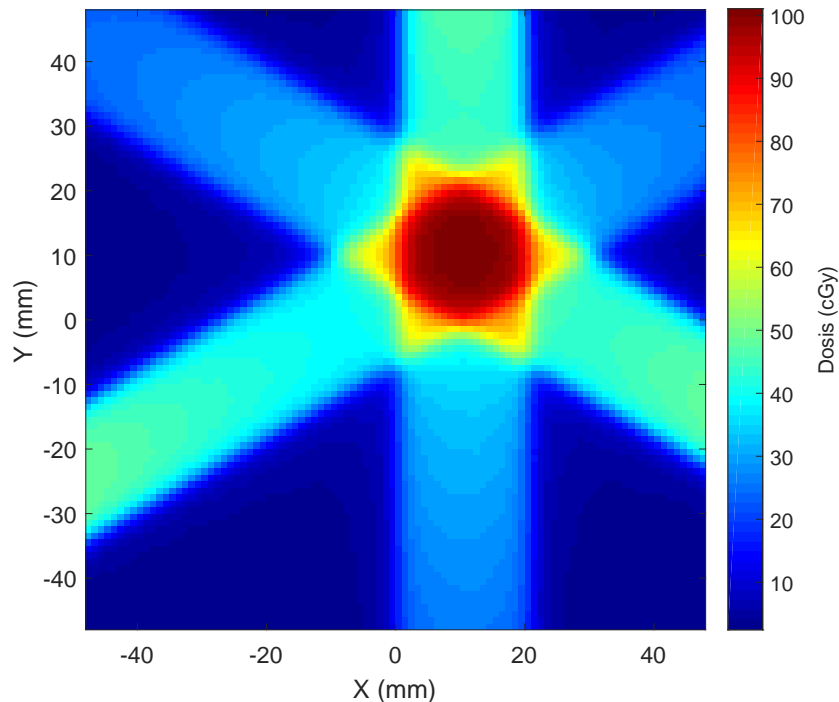


Figura 3.11: Mapa de dosis calculado por el planificador del hospital correspondiente a un tratamiento real. Tamaño: 96x96 píxeles. Área del pixel: 1x1 mm².

Para realizar una reconstrucción más realista se va a suponer que no se tiene información del mapa que se va a reconstruir. La reconstrucción se realizará usando una malla de píxeles que no coincidirá ni en tamaño ni en posición con los píxeles del mapa original. Se estudia las reconstrucciones obtenidas para un distinto número de iteraciones. Los resultados se recogen en la figura 3.13. Aunque se ha añadido el ruido poissoniano, el algoritmo EM sin información a priori es capaz de reconstruir el mapa original con bastante similitud al original. Conforme aumenta el número de iteraciones, la resolución de la reconstrucción es mayor pero también el ruido se incrementa. El algoritmo EM sin información a priori converge hacia mapas ruidosos y la convergencia se vuelve más lenta con el paso de las iteraciones (la tasa de cambio del mapa es mayor de la iteración diez a la iteración veinte, que de la iteración veinte a la treinta).

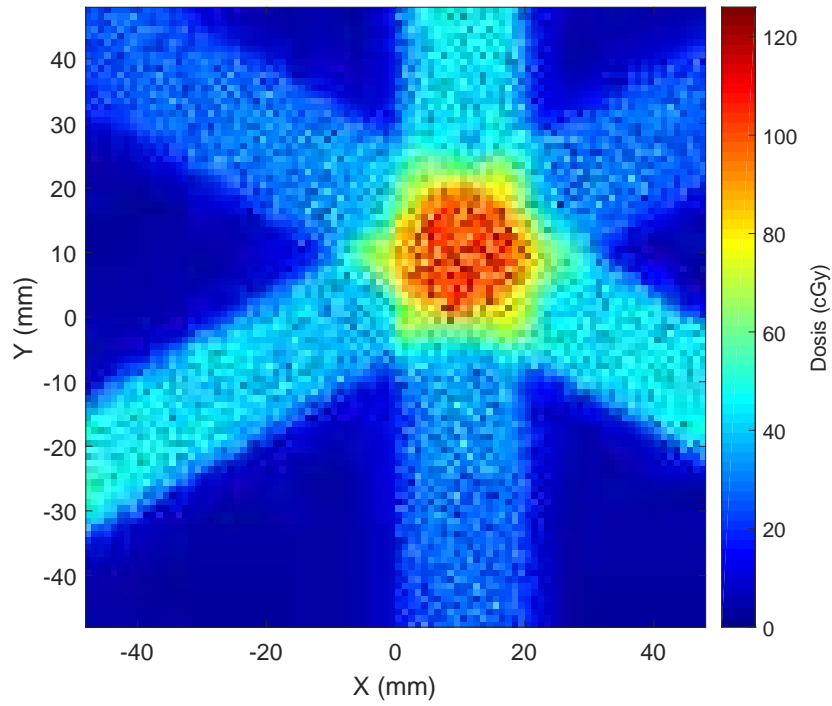
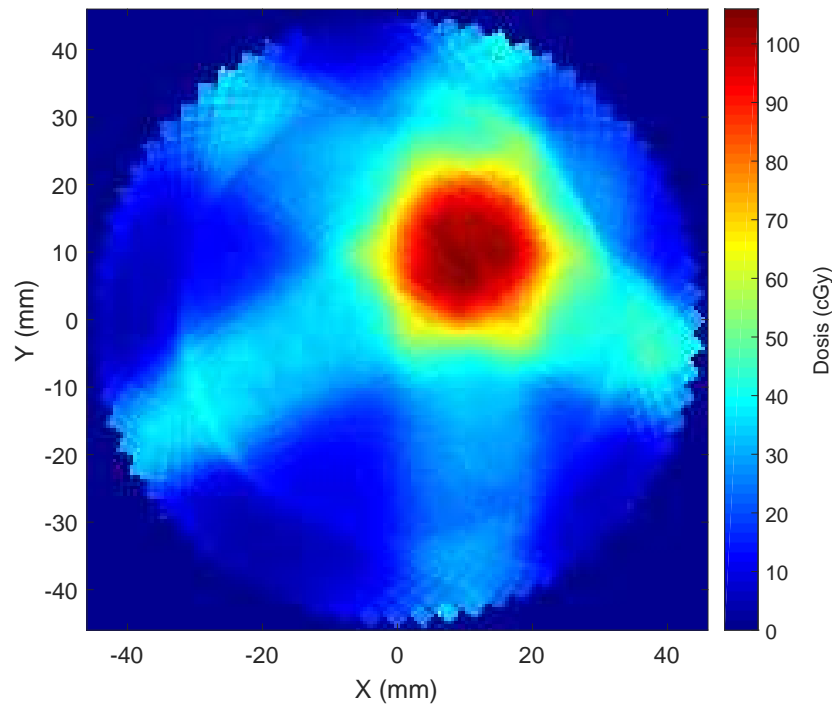
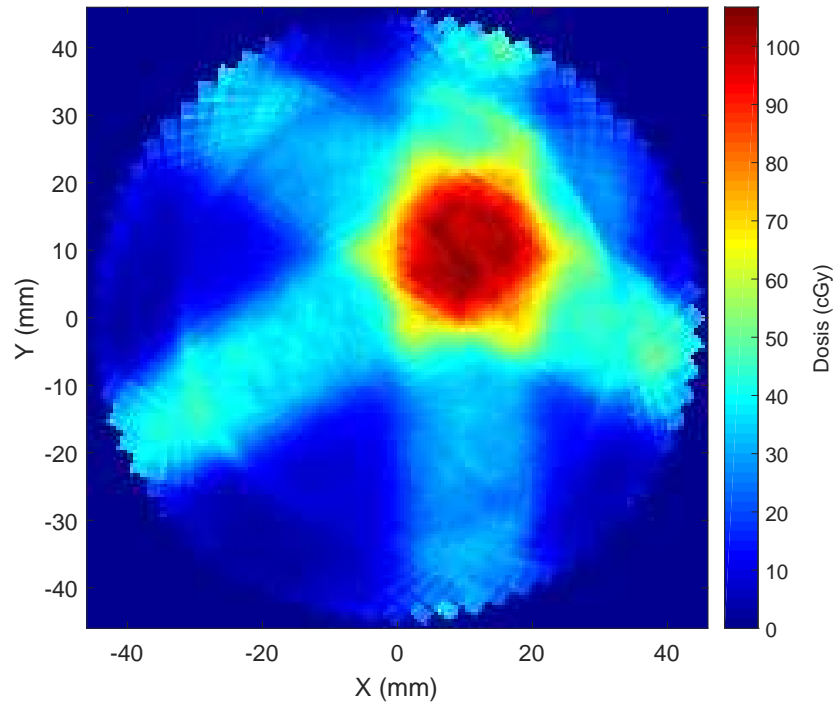


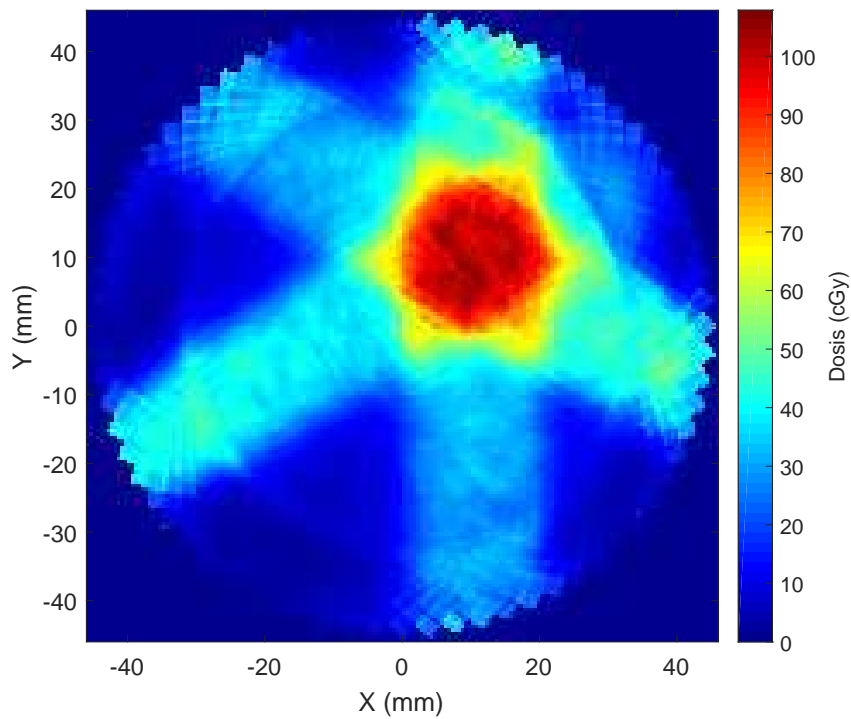
Figura 3.12: Mapa de dosis correspondiente 3.11 con ruido poissoniano. Tamaño: 96x96 píxeles. Área del pixel: 1x1 mm².



(a) Número de iteraciones: 10. Tiempo de reconstrucción: 41.78s.



(b) Número de iteraciones: 20. Tiempo de reconstrucción: 83.43s.



(c) Número de iteraciones: 30. Tiempo de reconstrucción: 122.91s.

Figura 3.13: Reconstrucción del mapa de la figura 3.12 usando el Método EM con distribución poissoniana. Medidas experimentales tomadas entre 0° y 85° con paso de 5° . Tamaño: 184×184 píxeles. Área del pixel: $0.5 \times 0.5 \text{ mm}^2$.

3.2.2. Reconstrucción de mapas artificiales con información a priori usando el algoritmo GEM

El algoritmo GEM desarrollado en este trabajo es un algoritmo primario para resolver problemas de máximo a posteriori con información a priori que modele las correlaciones locales entre píxeles. Con los resultados de esta sección se pretende comprobar que la inclusión de información a priori puede ayudar a solventar los problemas en la reconstrucción planteados en el apartado anterior.

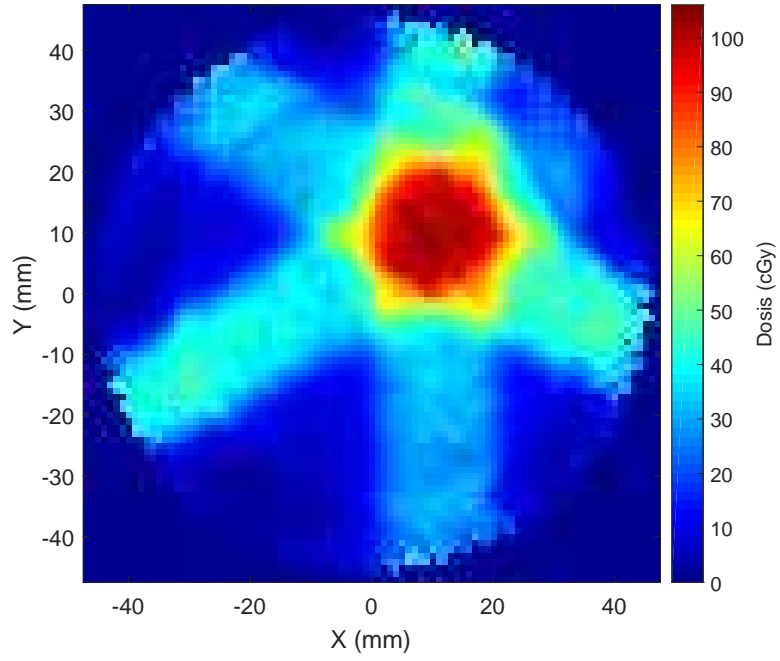
El primer paso es comprobar la dependencia de la reconstrucción con el parámetro β . Para ello se usará el potencial $V_1(\cdot)$, que favorece el suavizado, para el caso del mapa calculado por el planificador. Es de especial interés estudiar el caso $\beta \rightarrow \infty$, ya que este se corresponde con el caso sin información a priori, y así se puede comprobar si el algoritmo GEM tiende a la misma solución que el algoritmo EM. Este es el caso de la figura 3.14(a), donde se comprueba que se obtiene una solución con las mismas características de ruido que en la figura 3.13(c). En las figuras 3.14(b), (c) y (d) se observa el efecto de β en la reconstrucción. Cuanto más pequeño se hace, mayor es la importancia de la información a priori en la reconstrucción y por eso en este caso más se suaviza la imagen. Es necesario entonces estimar el valor de β que mejor se adapte al problema, porque puede ocurrir que se tomen valores que acaben deformando el mapa como en 3.14(d).

Por último se aplica la información a priori con los potenciales $V_2(\cdot)$, $V_3(\cdot)$ y $V_4(\cdot)$ al caso de zona homogénea con bordes definidos. El resultado se presenta en la figura 3.15. En los tres casos se obtienen mapas con menos irregularidades en la zona homogénea que en el caso EM, y respetando los bordes. Esto pone de manifiesto que usar información a priori en la reconstrucción conduce a mapas que se asimilaran más al original.

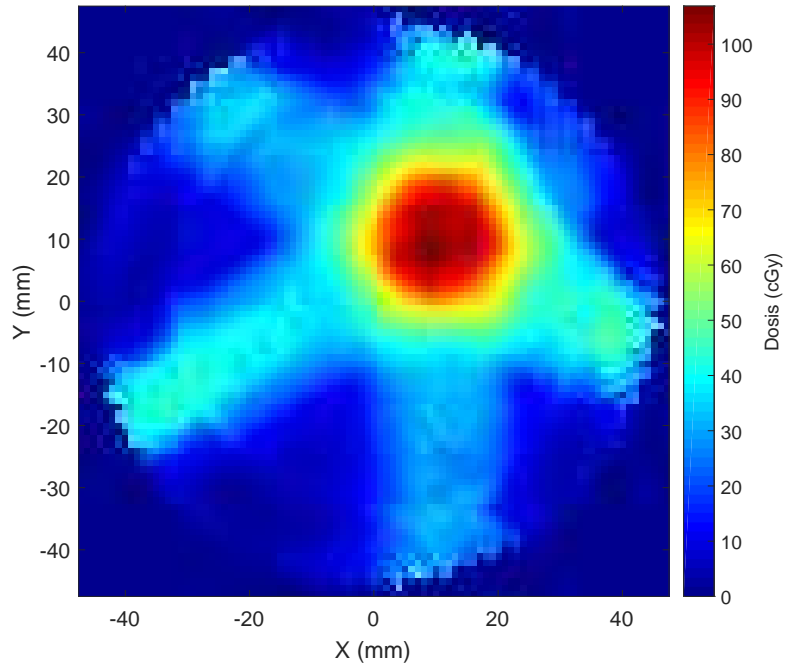
3.2.3. Reconstrucción del mapa de dosis de un tratamiento real sin información a priori usando el algoritmo EM

Por último se muestra la reconstrucción de un mapa de dosis a partir de medidas experimentales realizadas en el Hospital Universitario Virgen Macarena. Las medidas se corresponden al mismo tratamiento calculado por el planificador 3.11, por lo que se espera que tenga una forma similar (no tienen por qué coincidir las dimensiones). El resultado se muestra en la figura 3.16.

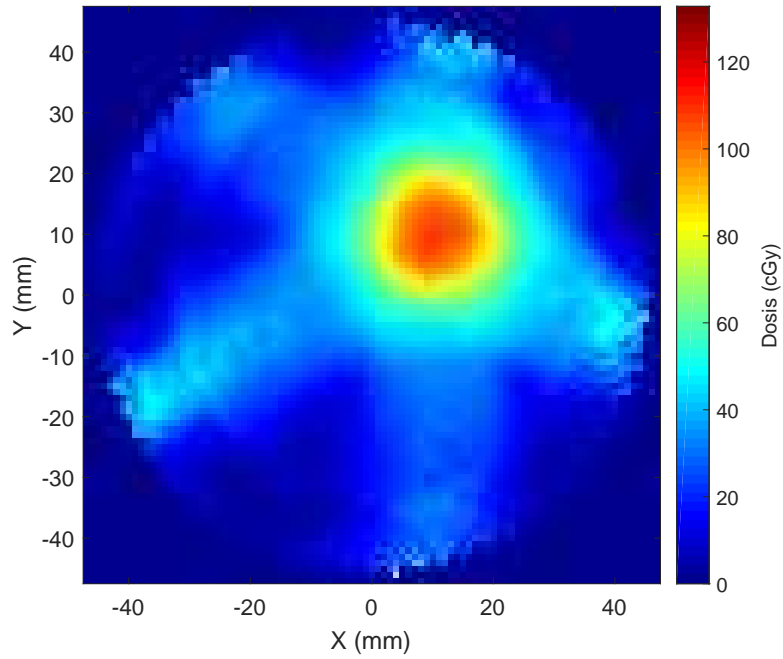
Además se añade la reconstrucción en dos casos adversos que se pueden dar en la práctica. Uno es que una o más tiras dejen de funcionar correctamente y haya que prescindir de ellas en la reconstrucción 3.17, de hecho las tiras 12, 13 y 14 se comportan de forma anómala para este caso y son las que se eliminan. Y el otro es que se necesite una reconstrucción rápida y se tomen solo la mitad de las medidas que en el caso anterior 3.18. Mientras que en la primera situación lo que se tiene es una pérdida de información en una zona localizada del mapa marcada con el rectángulo fucsia, en la segunda lo que se obtiene es un mapa con menor resolución. Pero en ambos es posible realizar la reconstrucción, lo cual verifica la flexibilidad del método de reconstrucción ante casos adversos.



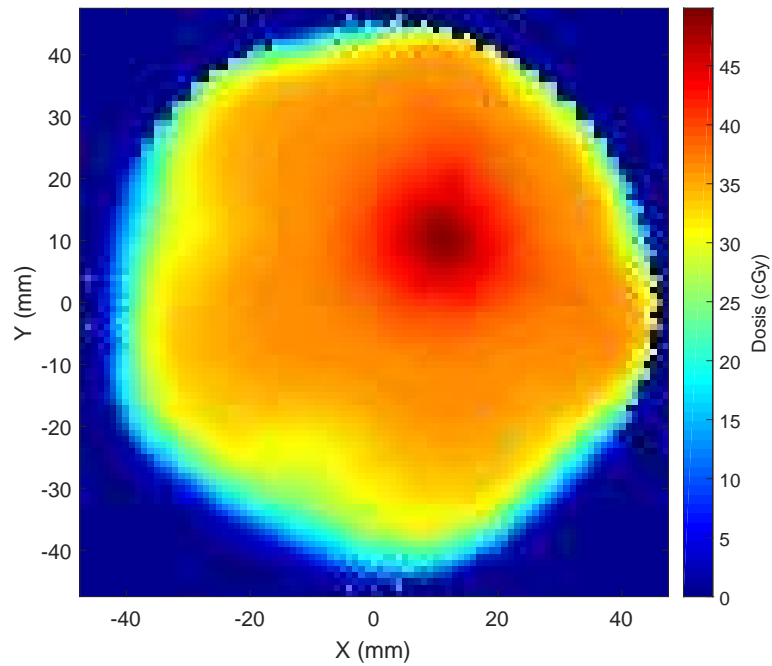
(a) $\beta = 10^{20}$. Tiempo de reconstrucción: 144.08s.



(b) $\beta = 5 \cdot 10^5$. Tiempo de reconstrucción: 337.80s.

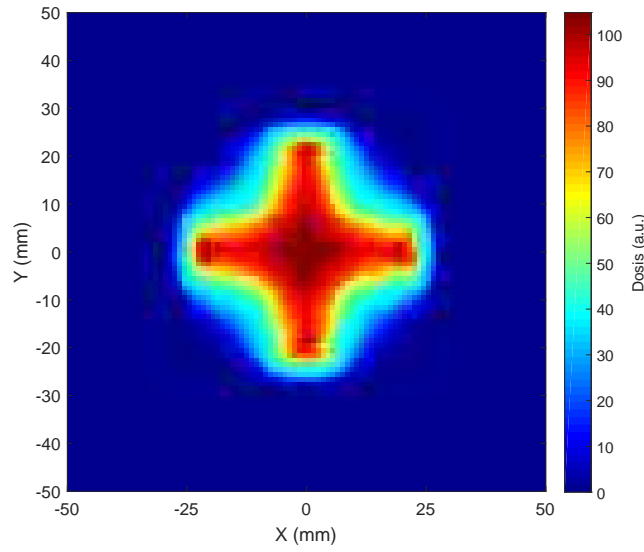


(c) $\beta = 10^5$. Tiempo de reconstrucción: 476.23s.

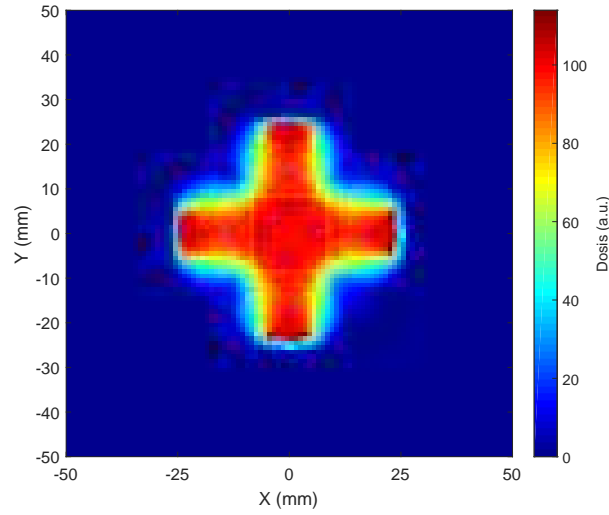


(d) $\beta = 500$. Tiempo de reconstrucción: 653.47s.

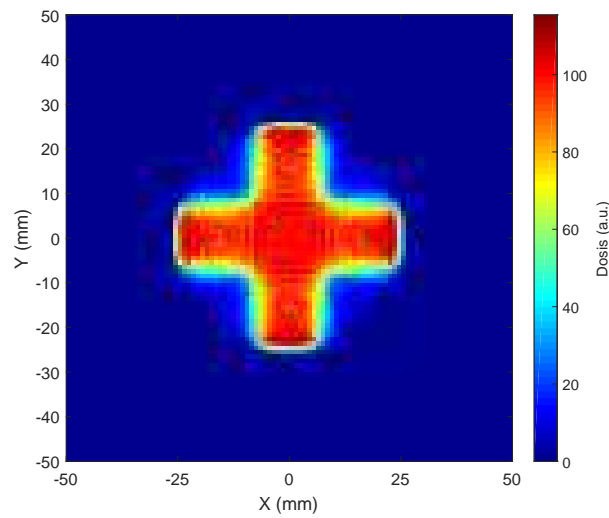
Figura 3.14: Reconstrucción del mapa de la figura 3.12 usando el Método GEM con distribución poissoniana y $V_1(\cdot)$. Medidas experimentales tomadas entre 0° y 85° con paso de 5° . Tamaño: 95×95 píxeles. Área del pixel: $1 \times 1 \text{ mm}^2$. Número de iteraciones: 30.



(a) $\beta = 100$. $V_2(\cdot)$. Tiempo de reconstrucción: 225.41s.



(b) $\beta = 10$. $V_3(\cdot)$. Tiempo de reconstrucción: 145.46s.



(c) $\beta = 10$. $V_4(\cdot)$. Tiempo de reconstrucción: 137.83s.

Figura 3.15: Reconstrucción del mapa de la figura 3.7 usando el Método GEM con distribución poissoniana. Medidas experimentales tomadas entre 0° y 85° con paso de 5° . Tamaño: 100×100 píxeles. Área del pixel: $1 \times 1 \text{ mm}^2$. Número de iteraciones: 15.

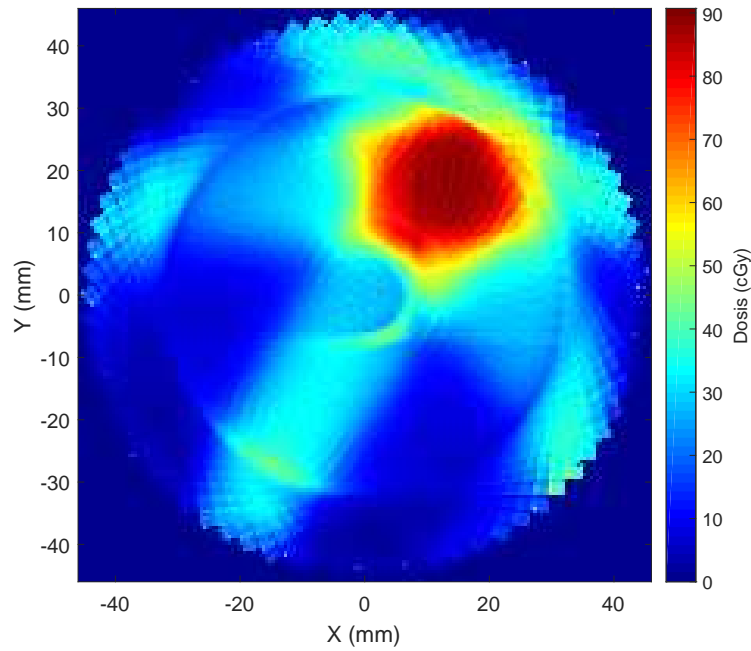


Figura 3.16: Reconstrucción un mapa de dosis de un tratamiento real usando el Método EM con distribución poissoniana. Medidas experimentales tomadas entre 0° y 85° con paso de 5° . Tamaño: 184×184 píxeles. Área del pixel: $0.5 \times 0.5 \text{ mm}^2$. Número de iteraciones: 15. Tiempo de reconstrucción: 60.20s.

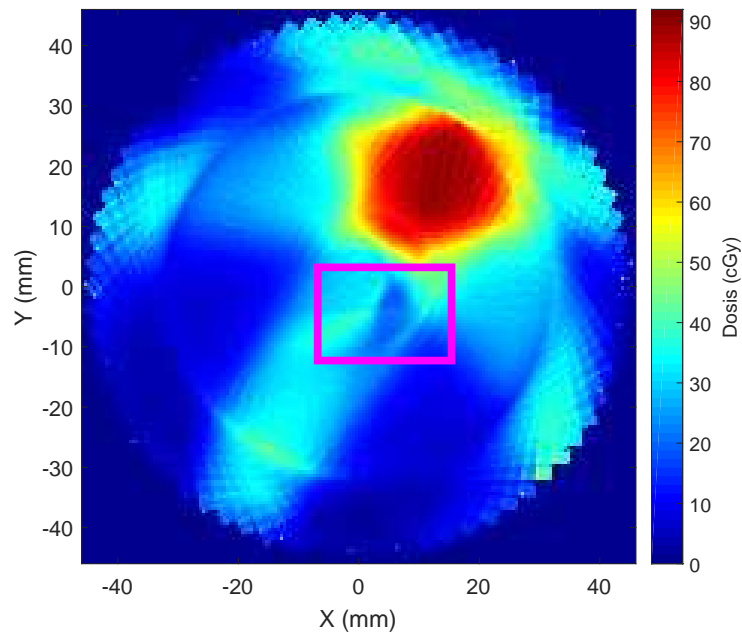


Figura 3.17: Reconstrucción un mapa de dosis de un tratamiento real usando el Método EM con distribución poissoniana. Medidas experimentales tomadas entre 0° y 85° con paso de 5° . Tamaño: 184×184 píxeles. Área del pixel: $0.5 \times 0.5 \text{ mm}^2$. Número de iteraciones: 15. Tiempo de reconstrucción: 54.05s. La zona interior al recuadro fucsia es la que cambia al no tener en cuenta las tiras 12,13,14.

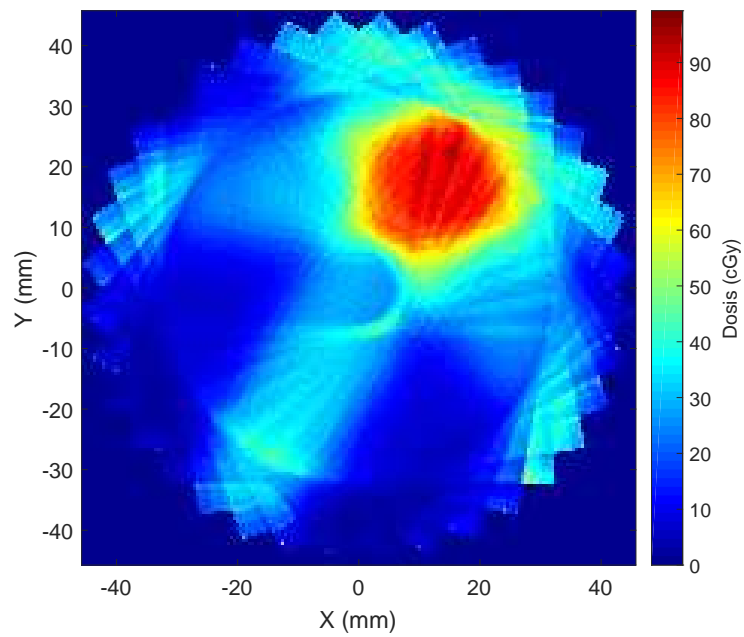


Figura 3.18: Reconstrucción un mapa de dosis de un tratamiento real usando el Método EM con distribución poissoniana. Número de iteraciones: 15. Medidas experimentales tomadas entre 0° y 80° con paso de 10° . Tamaño: 184×184 píxeles. Área del pixel: $0.5 \times 0.5 \text{ mm}^2$. Tiempo de reconstrucción: 36.89s

Capítulo 4

Conclusiones

Una vez explicada la motivación del trabajo, desarrolladas las ideas principales y obtenidos los resultados, este capítulo cierra el trabajo recuperando los objetivos iniciales, viendo cuales se han conseguido e identificando cuales serán las futuras líneas de investigación en base a los resultados obtenidos.

- En los últimos años los tratamientos de radioterapia se han vuelto más complejos. El planificador, que es el programa informático encargado de calcular los mapas de dosis, no siempre está preparado para las condiciones extremas de los tratamientos más avanzados. Por ello es necesario la verificación de los mismos, esto es, tomar medidas experimentales de la dosis y compararlas con las calculadas por el planificador. Como la planificación de los tratamientos se realiza habitualmente en los planos axiales, es interesante que la verificación se realice en estos planos. Resulta complicado encontrar en el mercado un detector calibrado a dosis que tome medidas cuando el haz es paralelo a su área activa. Solo puede hablarse de la película radiocrómica, pero esta tiene una desventaja, que su lectura no es en tiempo real.
- Se ha diseñado y construido un prototipo de sistema de detección específicamente para medir mapas 2D de dosis en el plano axial. El sistema está basado en dos SSSSD dispuestos en configuración perpendicular y calibrados a dosis en agua, que se insertan el plano axial de un maniquí cilíndrico de dimensiones de una cabeza que es capaz de rotar alrededor de su eje. Lanzando el tratamiento que se quiere verificar sobre el detector en distintas posiciones angulares, se obtiene la dosis media en agua depositada en el volumen activo de cada tira en las distintas posiciones angulares.
- Debido a que el mapa de dosis no se anula dentro del área correspondiente al área activa del detector, los métodos basados en la transformada de Radon son difíciles de aplicar en este caso. Para tratar los mapas de dosis se ha discretizado el mapa en píxeles, de manera que se busca obtener es la dosis media en cada pixel.
- Existe una relación que lleva de la dosis media en los píxeles de un mapa a la dosis media en una tira colocada en una cierta posición angular. Esta relación depende de un factor geométrico que es necesario calcular para modelar la respuesta del detector.

- Una vez calculado el factor geométrico hay que desarrollar un método que permita obtener la dosis media en cada pixel a partir de la dosis media en cada tira en las distintas posiciones angulares, todo ello en tiempo real. En el método hay que tener en cuenta la naturaleza estadística del proceso de medida, por lo que se modelan las medidas experimentales como variables aleatorias que siguen una determinada distribución, donde los parámetros de la misma son las dosis media en los píxeles. Usando el método de máximo a posteriori puede estimarse los valores de las dosis media en los píxeles como aquella que hace máxima la función a posteriori. En general este método conduce a un sistema de ecuaciones que no tiene por qué ser lineal. Por ello se desarrolla un algoritmo llamado de esperanza-maximización, que permite obtener una solución al método MAP de forma iterativa. Se describe también la generalización del método EM, la cual permite estimar el valor de los parámetros cuando la función de distribución a priori incluye correlaciones entre los valores de los píxeles.
- Las reconstrucciones de mapas artificiales realizadas con el método EM sin tener en cuenta información a priori arroja muy buenos resultados para los casos en los que existe una variación suave del mapa de dosis. A partir unas mismas medidas experimentales pueden reconstruirse mapas con distinto tamaño de pixel, pudiendo siempre promediar sobre el mapa de píxeles más pequeños para obtener el mismo resultado que el mapa de píxeles de mayor tamaño. En el caso de reconstrucción de mapas con zonas homogéneas y bordes muy definidos (alto gradiente), presenta irregularidades en la zona que debería ser homogénea, y no reproduce con exactitud el gradiente. Es capaz de reconstruir imágenes a las que se le ha aplicado un ruido estadístico, pero es un algoritmo de convergencia lenta y la soluciones a las que converge son características por la presencia de ruido.
- El método GEM incluye información a priori, a partir de la cual puede incluirse correlaciones locales entre los valores de los píxeles, haciendo que la imagen que se obtenga sea más suave y permitiendo la existencia de bordes. Una de las tareas que queda por realizar es desarrollar un algoritmo de estimación del parámetro β que arroje el valor óptimo para la reconstrucción, ya que una mala elección del mismo puede dañar la reconstrucción.
- Cuando se reconstruye un mapa de dosis a partir de medidas experimentales reales usando el método EM sin información a priori se obtienen buenos resultados. Además el método EM es flexible ante casos adversos, permitiendo obtener un mapa de dosis aunque alguna tira no funcione o no se disponga de tiempo para realizar todas las medidas experimentales deseadas. El siguiente paso a seguir sería incluir información a priori para este caso. El mapa obtenido por el planificador ofrece mucha información que puede usarse para desarrollar nuevas formas de los potenciales de la distribución a priori para mejorar la reconstrucción. Lo ideal sería que se pudiese reconstruir los huecos producidos al fallar alguna tira, mejorar la calidad del mapa en el área existente entre el círculo inscrito y el circunscrito y reconstruir el mapa más allá del área barrida por el detector.

Apéndice A

Cálculo de los coeficientes del modelado del detector

A.1. Cálculo del coeficiente $C_{ijk\alpha m}$ para un pixel dado ij

Se realiza el cálculo del coeficiente C_{ijklm} para un pixel fijo ij . Para los diferentes cálculos que se realizan en este apartado se usan las proyecciones de las esquinas del pixel que se denotan por x'_β para el detector vertical y y'_β para el horizontal, siendo $\beta = 1-4$ según la figura 2.4. Estos se calculan usando (2.1) a partir de las coordenadas de las esquinas en el sistema fijo, que se obtienen conociendo la posición del centro, la anchura y la altura del pixel. Además, como se manejan líneas verticales y horizontales, en cada una de las figuras ilustrativas que se muestran se especifica el intervalo angular correspondiente a esa figura usando θ_m con $m = 1$ para el detector vertical (x'_α) y con $m = 2$ para el detector horizontal (y'_α). Lo último a tener en cuenta es que se presenta la forma de calcular el coeficiente en el intervalo angular $\theta \in [0^\circ, 90^\circ]$, siendo fácilmente extensible al resto de cuadrantes.

A.1.1. Condición de contribución de los píxeles

El primer paso es saber si el pixel tienen contribución nula $C = 0$, si contribuye en su totalidad $C = 1$ y si por el cruza el borde de una tira $C \in (0, 1)$. Para ello simplemente hay que tener en cuenta las proyecciones de las esquinas en el sistema rotado que depende de si la línea es vertical u horizontal y del ángulo en que esté posicionado el sistema como se aprecia en la figura A.1. Matemáticamente esto se puede escribir

$$C_{ijk\alpha, m=1} \begin{cases} = 0, & \text{si } x'_2 \leq x'_\alpha \\ \in (0, 1), & \text{si } x'_3 < x'_\alpha < x'_2, \\ = 1, & \text{si } x'_3 \geq x'_\alpha \end{cases} \quad (\text{A.1})$$

$$C_{ijk\alpha, m=2} \begin{cases} = 0, & \text{si } y'_1 \leq y'_\alpha \\ \in (0, 1), & \text{si } y'_4 < y'_\alpha < y'_1, \\ = 1, & \text{si } y'_4 \geq y'_\alpha \end{cases} \quad (\text{A.2})$$

donde k es tal que $\theta_k \in [0^\circ, 90^\circ]$.

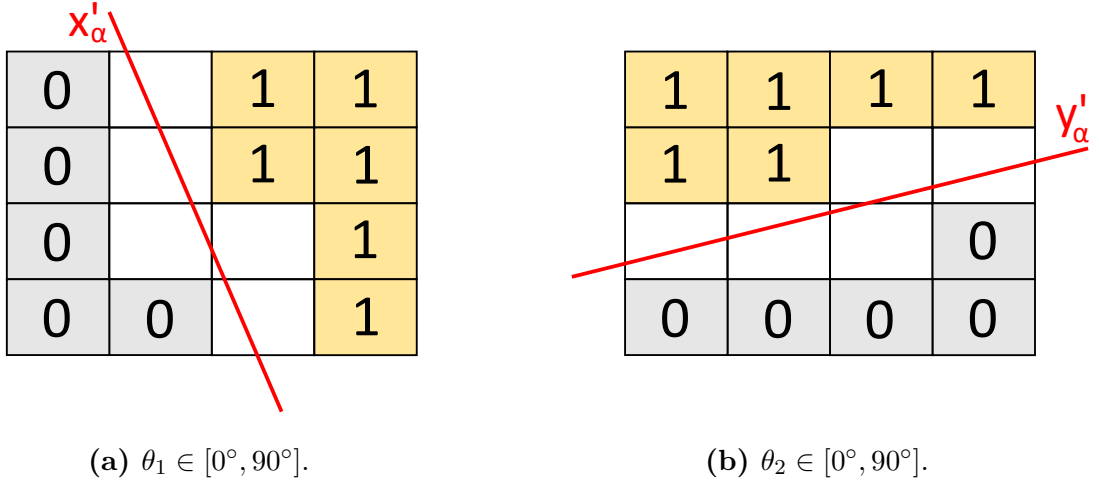


Figura A.1: Valores de los coeficientes de línea $C_{ijk\alpha m}$. Los píxeles en blanco tienen un coeficiente de línea entre 0 y 1.

Ya están calculados parte de los coeficientes, ahora queda calcular la fracción de pixel que contribuye a la línea α para los píxeles que son cruzados por la línea. Es necesario conocer entonces cuales son las coordenadas de los dos puntos de corte de la línea con cada píxel que cruza. A partir de los puntos de corte puede calcularse el área de interés. El procedimiento que se muestra a continuación es válido para cualquier ángulo, pero existen dos casos particulares en los cuales el problema se simplifica. Estos dos casos en los ángulos 0° y 90° y los ángulos de la diagonal con la vertical (θ^*) y la horizontal ($90 - \theta^*$). Se indica al final cual sería la simplificación en ambos casos.

A.1.2. Cálculo de los puntos de corte

Cuando una línea cruza un píxel dado, existen siempre dos puntos de corte con el mismo, P1 y P2. Sus coordenadas vienen dadas por (x_{P1}, y_{P1}) y (x_{P2}, y_{P2}) respectivamente. Se toman los puntos de corte tales que siempre se cumpla $x_{P1} < x_{P2}$. Para un ángulo dado, existen tres formas distintas de corte con el píxel. Las distintas posibilidades existentes para los ángulos de interés se recogen en la figura A.2.

De cada punto de corte solo se tiene una única coordenada. Para obtener la coordenada que falta, con la posición de la línea en el sistema rotado (x'_α o y'_α) y con una coordenada del punto de corte (x_P o y_P) se obtiene la otra despejando de la ecuación que convenga de (2.1).

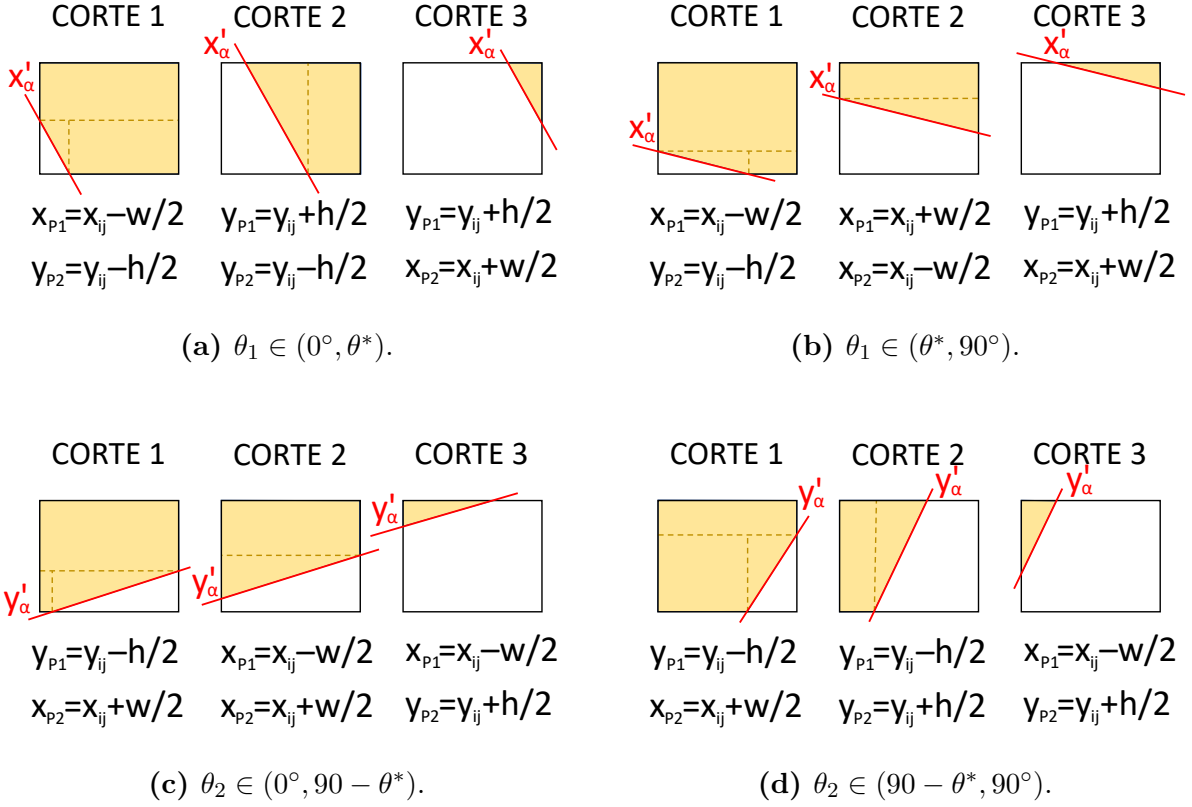


Figura A.2: Cortes posibles de la línea con el píxel. Los cortes se ordenan por área a calcular de mayor a menor. Además se detallan los polígonos en los que puede descomponerse el área a calcular.

Una vez obtenidas las coordenadas de los dos puntos de corte, de cada una de las formas de corte posibles solo se produce una de ellas. El siguiente paso es definir algunas variables relacionadas con los cortes, de manera que por los valores que tomen se pueda saber cual es el corte correcto. Estas variables para $\theta \in [0^\circ, 90^\circ]$ son

$$\begin{aligned} D_1 &= \frac{x'_\alpha - x'_3}{x'_1 - x'_3} \\ D_2 &= \frac{x'_\alpha - x'_1}{x'_4 - x'_1}, \quad \text{para} \\ D_3 &= \frac{x'_\alpha - x'_4}{x'_2 - x'_4} \end{aligned} \quad \theta_1 \in [0^\circ, \theta^*].$$

$$\begin{aligned} D_1 &= \frac{y'_\alpha - y'_4}{y'_3 - y'_4} \\ D_2 &= \frac{y'_\alpha - y'_3}{y'_2 - y'_3}, \quad \text{para} \\ D_3 &= \frac{y'_\alpha - y'_2}{y'_1 - y'_2} \end{aligned} \quad \theta_2 \in [0^\circ, 90 - \theta^*].$$

$$\begin{aligned} D_1 &= \frac{x'_\alpha - x'_3}{x'_4 - x'_3} \\ D_2 &= \frac{x'_\alpha - x'_4}{x'_1 - x'_4}, \quad \text{para} \\ D_3 &= \frac{x'_\alpha - x'_1}{x'_2 - x'_1} \end{aligned} \quad \theta_1 \in [\theta^*, 90^\circ].$$

$$\begin{aligned} D_1 &= \frac{y'_\alpha - y'_4}{y'_2 - y'_4} \\ D_2 &= \frac{y'_\alpha - y'_2}{y'_3 - y'_2}, \quad \text{para} \\ D_3 &= \frac{y'_\alpha - y'_3}{y'_1 - y'_3} \end{aligned} \quad \theta_2 \in [90 - \theta^*, 90^\circ].$$

En la figura A.3 se ilustra por qué se definen así los coeficientes D , que cambian dependiendo de si es el detector vertical o el horizontal y del intervalo angular. Atendiendo a la posición de las líneas en cada corte y a la posición de las proyecciones de las esquinas del pixel se comprueba

CORTE 1:	$0 \leq D_1 < 1,$	$D_2 < 0,$	$D_3 < 0,$
CORTE 2:	$D_1 \geq 1,$	$0 \leq D_2 < 1,$	$D_3 < 0.,$
CORTE 3:	$D_1 \geq 1,$	$D_2 \geq 1,$	$0 \leq D_3 < 1.$

Si $0 \leq D_r < 1$, entonces se produce el corte Γ .

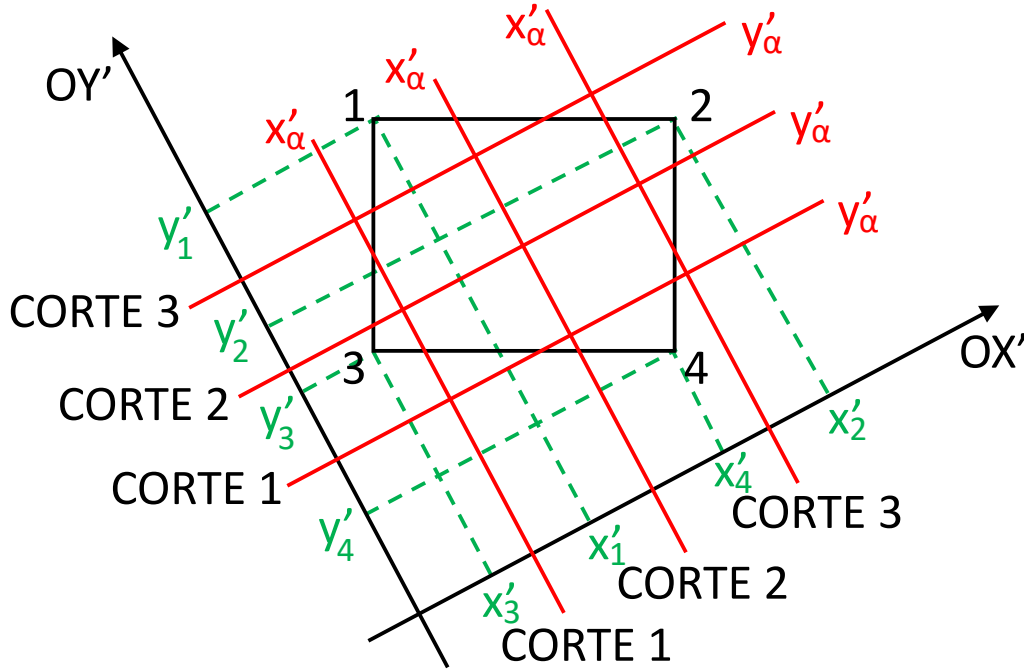


Figura A.3: Posiciones de las líneas en los distintos cortes y posición de la proyección de las esquinas sobre los ejes del sistema rotado para $\theta_1 \in [0^\circ, \theta^*]$ y $\theta_2 \in [0^\circ, 90^\circ - \theta^*]$.

A.1.3. Cálculo de la contribución del pixel por el que pasa la tira

Una vez que ya se tienen los puntos de corte correctos solo queda calcular el área del pixel que contribuye a la línea. En la figura A.2 se aprecia que los polígonos en los que se puede descomponer el área cambian según el corte que se dé. El corte 1 es el que tiene un mayor número de polígonos, por lo que lo más general es definir la forma de calcular el área con estos polígonos. Si el corte que se produce es otro, el problema se reduce de forma automática al que corresponda. Así solo es necesario calcular el área una vez, evitando usar bucles *if*, ahorrando por tanto tiempo de cálculo.

El cálculo del área es sencillo puesto que esta es una suma de áreas de polígonos regulares, en particular, de un triángulo (T) y dos rectángulos (R1 y R2). Las áreas a calcular se muestran en la figura siguiente.

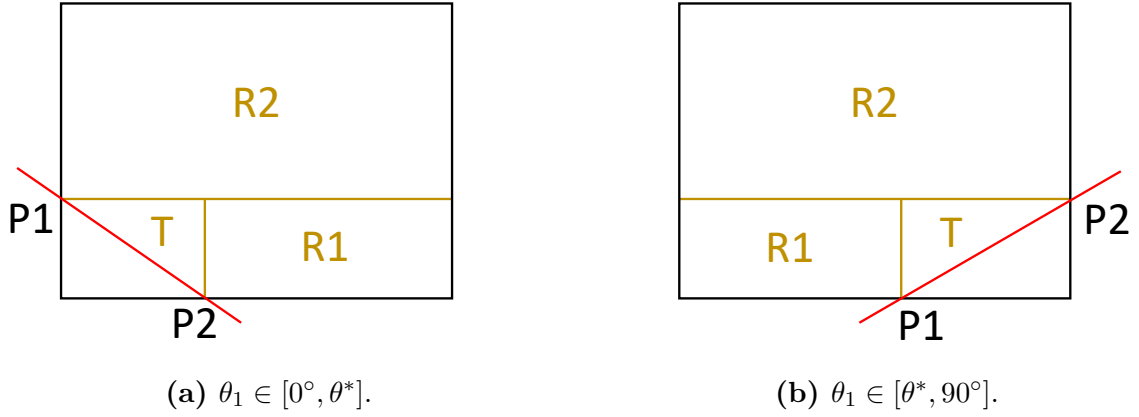


Figura A.4: Descomposición del área que contribuye a la línea en polígonos.

Las áreas se obtienen

Para $\theta_1 \in [0^\circ, 90^\circ]$:

$$A_T = 0.5 \cdot (x_{P2} - x_{P1}) \cdot (y_{P1} - y_{P2})$$

$$A_{R1} = [(x_{ij} + w/2) - x_{P2}] \cdot (y_{P1} - y_{P2}) ,$$

$$A_{R2} = w \cdot [(y_{ij} + h/2) - y_{P1}]$$

Para $\theta_2 \in [0^\circ, 90^\circ]$:

$$A_T = 0.5 \cdot (x_{P2} - x_{P1}) \cdot (y_{P2} - y_{P1})$$

$$A_{R1} = [x_{P1} - (x_{ij} - w/2)] \cdot (y_{P2} - y_{P1}) ,$$

$$A_{R2} = w \cdot [(y_{ij} + h/2) - y_{P2}]$$

Finalmente el valor del coeficiente es

$$C_{ijkl\alpha m} = \frac{A_T + A_{R1} + A_{R2}}{w \cdot h} \quad (\text{A.3})$$

A.1.4. Apunte para los casos particulares

En el caso de los ángulos entre cuadrantes, en este caso $\theta = 0^\circ$ y $\theta = 90^\circ$, solo se puede dar el corte 2. Entonces los puntos de corte se obtienen directamente sin necesidad de calcular los coeficientes D . Además, el área que contribuye en este caso es un rectángulo siempre, por lo que el cálculo de la contribución es mucho más sencillo.

Para los valores del ángulo de rotación que coincidan con los ángulos de la diagonal con la vertical y con la horizontal del pixel, solo se dan el corte 1 y el corte 3. Solo hay que tener en cuenta D_1 y D_3 . Una vez obtenido los puntos de corte, el cálculo de las áreas se hace de la misma manera que en el caso general.

A.2. Cálculo de los coeficientes G_{ijklm} para los píxeles en los que se produce el corte de dos líneas del detector

Hasta ahora se ha tratado la anchura de las tiras y su longitud por separado, pero en los píxeles en los que se produce el corte del borde de una tira con uno de los bordes superior o inferior del detector no se cumple la relación (2.10), por lo que hay que calcularlos por separado.

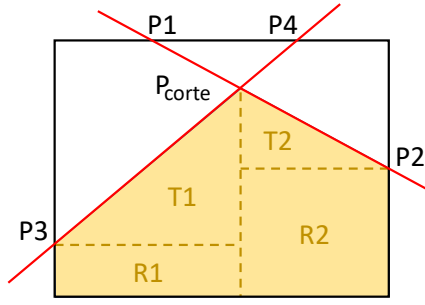
Lo primero es conocer las posición de los puntos de corte (P_{corte}) y cuales son los píxeles donde se produce el corte. La posición de los puntos de corte de las dos líneas se calcula usando x'_{α} y $y'_{\alpha'}$ como corresponda (es decir, si se toma $\alpha = 1, 2, \dots, 33$ entonces $\alpha' = 1, 33$ y al contrario, cuando $\alpha' = 1, 2, \dots, 33$ entonces $\alpha = 1, 33$) en la ecuación (2.1).

Para el cálculo del área de contribución se sigue una estrategia similar al caso anterior. Se plantean los casos con mayor número de polígonos, de forma que si es un caso más reducido el término correspondiente se anula por si solo. Como los píxeles en los que se produce el doble corte se han tenido en cuenta en el cálculo anterior, ya se conocen los puntos de corte de las líneas con los lados del pixel, los que se denotarán por P1, P2, P3 y P4. Existen cuatro casos generales y estos se recogen en la figura A.5, donde se han asignado los puntos P1 y P2 a la línea decreciente y P3 y P4 a la línea creciente, siendo siempre $x_{P1} < x_{P2}$ y $x_{P3} < x_{P4}$. Con las posiciones de las esquinas del pixel, con las posiciones de los puntos de corte de la línea con los lados del pixel y con el punto de corte de las dos líneas se puede calcular de forma análoga al caso anterior el área de los distintos polígonos (T1, T2, R1, R2).

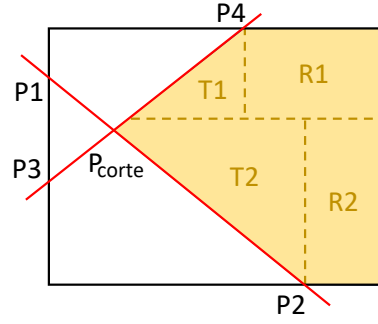
Cada línea de borde de tira pertenece a dos tiras adyacentes. Además, cada borde de tira corta con el borde superior y el borde inferior. Así por cada línea del borde de tira (excepto por la primera y la última) hay un total de cuatro coeficientes afectados, cada uno de los cuales se corresponde con uno de los casos de la figura A.5. En el caso de las líneas de borde primera y última ($\alpha = 1$ y $\alpha = 33$) solo pertenecen a una tira por lo que solo se verán afectados dos coeficientes.

El valor del coeficiente G_{ijklm} se obtiene

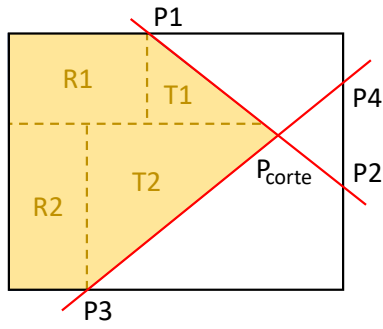
$$G_{ijklm} = \frac{A_{T1} + A_{T2} + A_{R1} + A_{R2}}{w \cdot h}. \quad (\text{A.4})$$



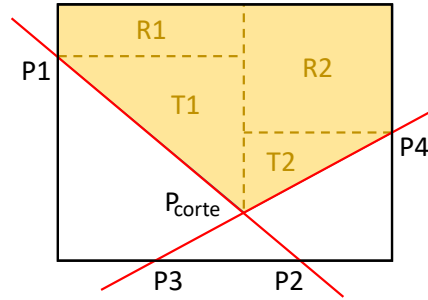
(a) CASO 1.



(b) CASO 2.



(c) CASO 3.



(d) CASO 4.

Figura A.5: Descomposición del área que contribuye al coeficiente en polígonos.

En la siguiente tabla se recoge, para el intervalo angular $\theta \in [0^\circ, 90^\circ]$, el caso que corresponde a cada coeficiente y cual de las dos líneas es la vertical (x'_α) y cual la horizontal (y'_α). Tener en cuenta que para $\alpha = 1$ solo hay que corregir los $G_{ijk\alpha m}$ y para $\alpha = 33$ solo los $G_{ijk(\alpha-1)m}$.

	DETECTOR 1 ($m = 1$)				DETECTOR 2 ($m = 2$)			
	UP		DOWN		UP		DOWN	
	$G_{ijk(\alpha-1)m}$	$G_{ijk\alpha m}$	$G_{ijk(\alpha-1)m}$	$G_{ijk\alpha m}$	$G_{ijk(\alpha-1)m}$	$G_{ijk\alpha m}$	$G_{ijk(\alpha-1)m}$	$G_{ijk\alpha m}$
CASO	1	2	3	4	2	4	1	3
P1, P2	x'_α	x'_α	x'_α	x'_α	x'_{33}	x'_{33}	x'_1	x'_1
P3, P4	y'_{33}	y'_{33}	y'_1	y'_1	y'_α	y'_α	y'_α	y'_α

Tabla A.1: Relación de casos y líneas para el intervalo angular $\theta \in [0^\circ, 90^\circ]$.

Apéndice B

Desigualdad de Jensen. Aplicación a un caso característico.

Sea $f(x)$ una función real no negativa tal que

$$\int_{-\infty}^{\infty} f(x)dx = 1, \quad (\text{B.1})$$

$h(x)$ una función real cualquiera y ϕ una función real cóncava sobre el rango de h , la desigualdad de Jensen, véase [14], se formula

$$\phi \left[\int_{-\infty}^{\infty} h(x)f(x)dx \right] \geq \int_{-\infty}^{\infty} \phi[h(x)]f(x)dx. \quad (\text{B.2})$$

Si $h(x)$ es una función no negativa, entonces $\phi[h(x)] = \ln[h(x)]$ es cóncava en el rango de h . Así, desigualdad de Jensen establece que

$$\ln \left[\int_{-\infty}^{\infty} h(x)f(x)dx \right] \geq \int_{-\infty}^{\infty} \ln[h(x)]f(x)dx. \quad (\text{B.3})$$

Ahora bien, si se toma $h(x) = g(x)/f(x)$, donde $g(x)$ es una función real no negativa, entonces

$$\ln \left[\int_{-\infty}^{\infty} g(x)dx \right] \geq \int_{-\infty}^{\infty} \ln \left[\frac{g(x)}{f(x)} \right] f(x)dx. \quad (\text{B.4})$$

Si

$$\int_{-\infty}^{\infty} g(x)dx = 1, \quad (\text{B.5})$$

se sigue que

$$0 \geq \int_{-\infty}^{\infty} \{\ln[g(x)] - \ln[f(x)]\} f(x)dx, \quad (\text{B.6})$$

o lo que es lo mismo

$$\int_{-\infty}^{\infty} \ln[f(x)]f(x)dx - \int_{-\infty}^{\infty} \ln[g(x)]f(x)dx \geq 0. \quad (\text{B.7})$$

Como $f(x)$ y $g(x)$ son ambas funciones reales no negativas y normalizadas a la unidad, pueden ser identificadas como distribuciones de probabilidad. Usando notación estadística puede escribirse entonces

$$\mathbb{E}_{f(x)} \{\ln[f(x)]\} - \mathbb{E}_{f(x)} \{\ln[g(x)]\} \geq 0, \quad (\text{B.8})$$

donde la igualdad se alcanza cuando $g(x) = f(x)$.

Apéndice C

Distribución de probabilidad a priori de Gibbs

La distribución de probabilidad a priori de Gibbs permite incluir correlaciones locales entre píxeles en la reconstrucción. Para describir la forma de estas funciones hay que definir previamente algunos conceptos, todos recogidos en [15].

El primer concepto es el campo aleatorio de Markov (MRF, por sus siglas en inglés). Un MRF es un conjunto de variables aleatorias $z = \{z_w\}$ asociadas a las posiciones de los elementos que forman un sistema, para las cuales la probabilidad de que se dé un cierto valor de la variable del elemento u , z_u , condicionada por los valores del resto de variables es igual a la probabilidad de se dé dicho valor de la variable aleatoria del elemento u condicionada solo a los valores de las variables de un pequeño subconjunto de elementos llamado vecindario. Matemáticamente un MRF se define

$$P(z_u|z_w; w \neq u) = P(z_u|z_w; w \in \Omega_u), \quad (\text{C.1})$$

donde Ω_u es el vecindario del elemento u .

Todos los vecindarios cumplen que si w es vecino de u , entonces u es vecino de w , es decir

$$u' \in \Omega_u \leftrightarrow u \in \Omega_{u'}. \quad (\text{C.2})$$

La forma de los vecindarios depende del sistema tratado y generalmente se suelen clasificar por órdenes. En la figura C.1 se muestran distintos órdenes de vecindarios para una cuadrícula 2D, que es el sistema estudiado en este trabajo.

Una vez establecidos los vecindarios de los distintos elementos del sistema se define un nuevo tipo de subconjunto de elementos, el *clique*. Es un subconjunto formado por uno o más elementos de manera que cada una de ellos es vecino del resto de elementos del *clique*. Los distintos *cliques* que pueden darse dependen del sistema tratado y del orden de vecindario elegido. En la figura C.2 se muestran los distintos cliques posibles para vecindarios de distinto orden que se dan en una cuadrícula 2D.

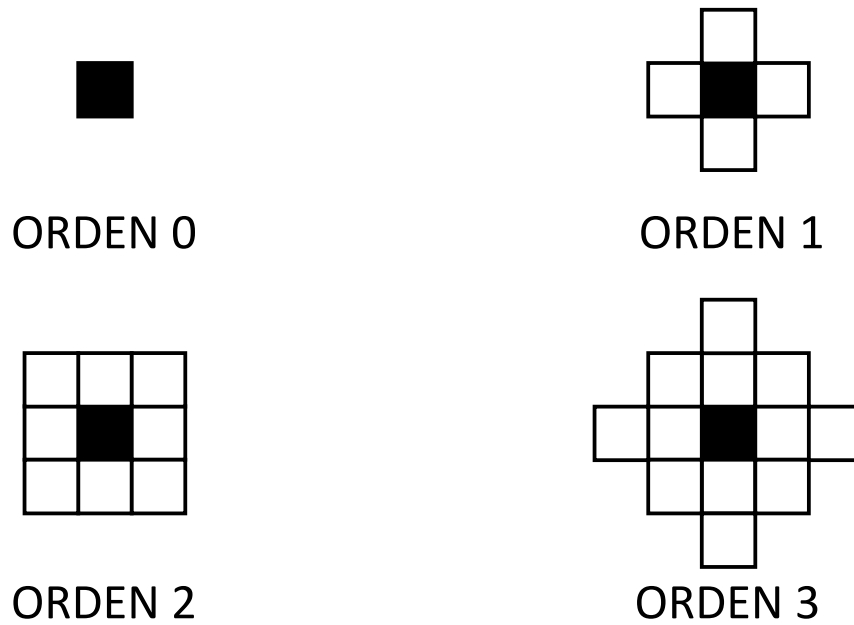


Figura C.1: Vecindarios de distinto orden para una cuadrícula 2D. Los píxeles blancos son los vecinos del pixel negro.

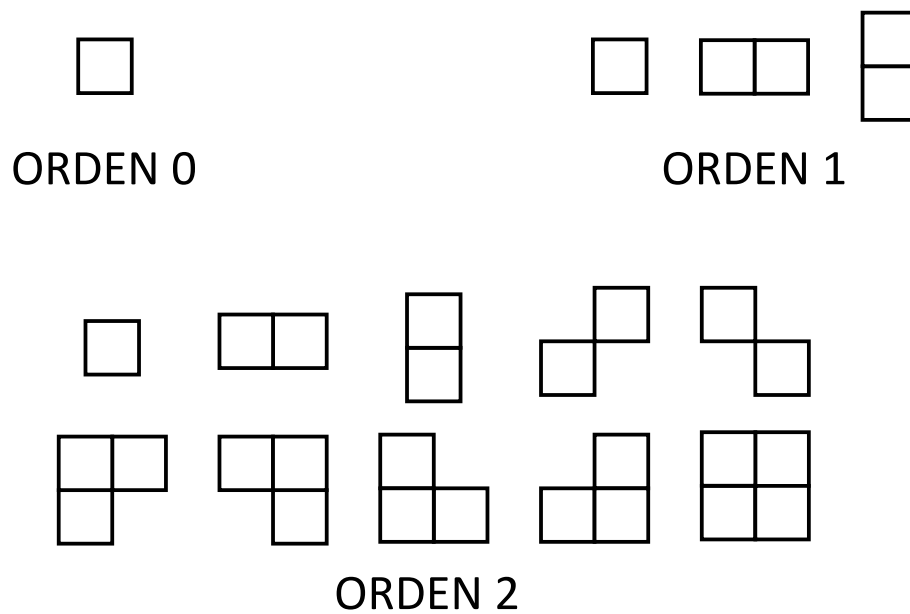


Figura C.2: Cliques para vecindarios de distinto orden para una cuadrícula 2D

El teorema de Hammersley–Clifford establece que un campo aleatorio definido en una red es un MRF si y solo si su distribución de probabilidad se corresponde con una función de Gibbs. Esta última tiene la forma

$$f(z) = \frac{1}{Z(\beta)} \exp \left(-\frac{H(z)}{\beta} \right), \quad (\text{C.3})$$

donde β es una constante, $H(z)$ se conoce como función de energía y $Z(\beta)$ es la función de partición (constante de normalización) que viene dada por

$$Z(\beta) = \int_{-\infty}^{\infty} \exp \left(-\frac{H(z)}{\beta} \right) dz. \quad (\text{C.4})$$

La función energía tiene la forma

$$H(z) = \sum_{c \in \mathcal{C}} V_c(z), \quad (\text{C.5})$$

donde \mathcal{C} es el conjunto de los distintos *cliques* y $V_c(z)$ es la función potencial de las variables aleatorias asociadas a los elementos del *clique* c .

La función de Gibbs es una clase de funciones muy interesante a la hora de usarlas como funciones de distribución a priori para incluir correlaciones locales, debido a que la función de partición permite elegir cualquier orden de vecindario y cualquier combinación de funciones potenciales. La constante β controla la intensidad de la contribución de la información a priori frente a la información que da la función de distribución de probabilidad del modelo experimental, por lo que es necesario diseñar algún algoritmo para su estimación.

Bibliografía

- [1] M.I. GALLARDO et al. *Sistema y método de verificación de tratamientos de radioterapia*. Patente de invención ES 2409760 B1 (2014).
- [2] M.A.G. ALVAREZ et al. *Novel dual single sided silicon strip detector chip for radiotherapy verification*. Proceedings of Science (X LASNPA) 049: 1-6 (2013).
- [3] A. BOCCI et al. *Silicon strip detector for a novel 2D dosimetric method for radiotherapy treatment verification*. Nuclear Instruments and Methods in Physics Research A 673: 98–106 (2012).
- [4] C. BATTAGLIA. *Dosimetry studies for radiation therapy with photons and radiobiology using low-energy protons* (Tesis doctoral). Universidad de Sevilla, Sevilla (2017).
- [5] Z. ABOU-HAIDAR. *A 2D Silicon Detector System for Complex Radiotherapy Treatment Verification* (Tesis doctoral). Universidad de Sevilla, Sevilla (2012)
- [6] R. GORDON, R. BENDER and G.T. HERMAN. *Algebraic reconstruction techniques (ART) for three-dimensional electron microscopy and X-ray photography*. J. Theor. Biol. 29: 471-481 (1970).
- [7] P. GILBERT. *Iterative methods for the three-dimensional reconstruction of an object from projections*. J. Theor. Biol. 36: 105-117 (1972).
- [8] C. BADEA and R. GORDON. *Experiments with the nonlinear and chaotic behaviour of the multiplicative algebraic reconstruction technique (MART) algorithm for computed tomography*. Phys. Med. Biol. 49 : 1455-1474 (2004).
- [9] F.W. SCHOLZ. *Maximum Likelihood Estimation*. Encyclopedia of Statistical Sciences. 7. (2006)
- [10] A. P. DEMPSTER, N. M. LAIRD and D. B. RUBIN. *Maximum Likelihood from Incomplete Data via the EM Algorithm*. Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological), 39.1 : 1-38 (1977).
- [11] C.F. JEFF WU. *On the convergene properties of the EM algorithm*. Ann. Statist. 11.1: 95-103 (1983).
- [12] T. HEBERT and R. LEAHY. *A Generalized EM Algorithm for 3D Bayesian Reconstruction from Poisson Data Using Gibbs Priors*. IEEE Transactions on Medical Imaging, 8.2: 194:202 (1989).

- [13] K. LANGE. *Convergence of EM image reconstruction algorithms with Gibbs smoothing*. IEEE Transactions on Medical Imaging, 9.4:439-446 (1990).
- [14] J.L.W.V. JENSEN. *Sur les fonctions convexes et les inégalités entre les valeurs moyennes*. Acta Math. 30: 175-193 (1906).
- [15] Markov Random Fields and Gibbs Distributions. Disponible online en: <http://www.nlpr.ia.ac.cn/users/s>